



B2

## DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIEE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIERE DE BREVETS (PCT)

(51) Classification internationale des brevets <sup>5</sup> : C12N 15/12, C07K 13/00 C12P 21/08, A61K 37/02, 39/395 G01N 33/577, C12Q 1/68		A1	(11) Numéro de publication internationale: <b>WO 93/21314</b> (43) Date de publication internationale: 28 octobre 1993 (28.10.93)
<p>(21) Numéro de la demande internationale: PCT/FR93/00382</p> <p>(22) Date de dépôt international: 19 avril 1993 (19.04.93)</p> <p>(30) Données relatives à la priorité: 92/04827 21 avril 1992 (21.04.92) FR</p> <p>(71) Déposant (<i>pour tous les Etats désignés sauf US</i>): RHONE-POULENC RORER S.A. [FR/FR]; 20, avenue Raymond-Aron, F-92160 Antony (FR).</p> <p>(72) Inventeurs; et</p> <p>(75) Inventeurs/Déposants (<i>US seulement</i>) : SCHWEIGHOF-FER, Fabien [FR/FR]; 53, boulevard de la Libération, F-94300 Vincennes (FR). TOCQUE, Bruno [FR/FR]; 259, boulevard Péreire, F-75017 Paris (FR).</p>		<p>(74) Mandataire: BECKER, Philippe; Rhône-Poulenc Rorer S.A., Direction Brevets, 20, avenue Raymond-Aron, F-92165 Antony Cedex (FR).</p> <p>(81) Etats désignés: CA, JP, US, brevet européen (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p><b>Publiée</b> <i>Avec rapport de recherche internationale.</i> <i>Avant l'expiration du délai prévu pour la modification des revendications, sera republiée si de telles modifications sont reçues.</i></p>	
<p>(54) Title: PEPTIDES HAVING A GDP EXCHANGE FACTOR ACTIVITY, NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING FOR SAID PEPTIDES, PREPARATION AND UTILIZATION</p> <p>(54) Titre: PEPTIDES AYANT UNE ACTIVITE DE FACTEUR D'ECHANGE DU GDP, SEQUENCES D'ACIDES NUCLÉIQUES CODANT POUR CES PEPTIDES, PREPARATION ET UTILISATION</p> <p>(57) Abstract</p> <p>The present invention relates to peptides capable of modulating the levels of GDP exchange on p21-GDP complexes, the nucleic acid sequences coding for said peptides, preparation thereof and pharmaceutical compositions containing them.</p> <p>(57) Abrégé</p> <p>La présente invention concerne des peptides capables de moduler les niveaux d'échange du GDP sur des complexes p21-GDP, les séquences d'acides nucléiques codant pour ces peptides, leur préparation et des compositions pharmaceutiques les contenant.</p>			

**UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION**

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AT	Autriche	FR	France	MR	Mauritanie
AU	Australie	GA	Gabon	MW	Malawi
BB	Barbade	GB	Royaume-Uni	NL	Pays-Bas
BE	Belgique	CN	Guinée	NO	Norvège
BF	Burkina Faso	CR	Grèce	NZ	Nouvelle-Zélande
BG	Bulgarie	HU	Hongrie	PL	Pologne
BJ	Bénin	IE	Irlande	PT	Portugal
BR	Brésil	IT	Italie	RO	Roumanie
CA	Canada	JP	Japon	RU	Fédération de Russie
CF	République Centrafricaine	KP	République populaire démocratique de Corée	SD	Soudan
CC	Congo	KR	République de Corée	SE	Suède
CH	Suisse	KZ	Kazakhstan	SK	République slovaque
CI	Côte d'Ivoire	LI	Liechtenstein	SN	Sénégal
CM	Cameroun	LK	Sri Lanka	SU	Union soviétique
CS	Tchécoslovaquie	LU	Luxembourg	TD	Tchad
CZ	République tchèque	MC	Monaco	TG	Togo
DE	Allemagne	MG	Madagascar	UA	Ukraine
DK	Danemark	ML	Mali	US	Etats-Unis d'Amérique
ES	Espagne	MN	Mongolie	VN	Viet Nam
FI	Finlande				

PEPTIDES AYANT UNE ACTIVITE DE FACTEUR D'ECHANGE DU GDP,  
SEQUENCES D'ACIDES NUCLEIQUES CODANT POUR CES PEPTIDES,  
PREPARATION ET UTILISATION

La présente invention concerne de nouvelles séquences peptidiques et  
5 nucléotidiques, et leur utilisation pharmaceutique. Plus particulièrement, l'invention  
concerne des peptides capables de moduler les niveaux d'échange du GDP sur des  
complexes p21-GDP.

Les produits des gènes ras, généralement désignés protéines p21, jouent un rôle clé dans le contrôle de la division cellulaire chez tous les organismes eucaryotes  
10 où ils ont été recherchés. Certaines modifications spécifiques de ces protéines leur font perdre leur contrôle normal et les conduisent à devenir oncogéniques. Ainsi, un grand nombre de tumeurs humaines ont été associées à la présence de gènes ras modifiés. De même, une surexpression de ces protéines p21 peut conduire à un dérèglement de la prolifération cellulaire. La compréhension du rôle exact de ces  
15 protéines p21 dans les cellules, de leur mode de fonctionnement et de leurs caractéristiques constitue donc un enjeu majeur pour la compréhension et l'approche thérapeutique de la cancérogénèse.

*In vivo*, on ne connaît pas encore la nature exacte des événements responsables de l'activation des protéines p21. On sait qu'elles exercent leurs  
20 fonctions en oscillant entre deux états conformationnels : une forme inactive liée au GDP et une forme active liée au GTP, mais les facteurs agissant sur la transition entre ces deux formes ne sont pas clairement identifiés. Des travaux récents rapportent des situations physiologiques au cours desquelles la proportion de protéines ras liées au GTP augmente dans la cellule. Il s'agit de l'activation des lymphocytes T et de la  
25 stimulation des fibroblastes 3T3 par des facteurs de croissance dont l'EGF et le PDGF (Downward et al., *Nature* 346 (1990) 719 ; Gibbs et al., *J. Biol. Chem.* 265 (1990) 20437). L'augmentation de la proportion de p21-GTP peut s'expliquer au moins en partie par l'action d'une protéine jouant un rôle analogue à celui d'un récepteur pour les protéines G de transduction. A cet égard, certaines protéines capables de promouvoir l'échange du GDP sur les protéines p21 ont été identifiées, à partir de cerveau de boeuf [West et coll., *FEBS Lett.* 259 (1990) 245] et de rat [Wolfman et Macara, *Science* 248 (1990) 67]. La localisation cellulaire distincte de ces facteurs et  
30 les conditions expérimentales très différentes dans lesquelles ils ont été obtenus

laisserent supposer qu'il s'agit de protéines différentes. Elles sont aussi actives sur les protéines ras normales que sur celles qui sont oncogéniques. Ces activités sont regroupées sous le terme de GEF : Facteur d'Echange des nucléotides Guanidiques, ou GRF.

5        Chez la levure *Saccharomyces cerevisiae*, l'activité GRF a été attribuée au produit du gène CDC25 [Camonis et al., EMBO J. 5 (1986) 375], et des études ont été réalisées afin de comprendre la voie de signalisation faisant intervenir le produit des gènes CDC25, RAS1 et RAS2 d'une part et l'adénylate cyclase d'autre part chez la levure *Saccharomyces cerevisiae*. En particulier, de nombreux travaux ont été  
10      focalisés sur la caractérisation du produit du gène CDC25 qui était l'élément le plus mal connu de cette chaîne. Le produit du gène CDC25 constitue l'élément le plus en amont de la cascade de réactions conduisant à l'activation de la p21 chez la levure. Les travaux réalisés dans ce domaine ont contribué à démontrer que le produit de ce gène devait agir comme facteur d'échange GDP -> GTP pour activer les protéines ras.  
15      Un second gène de la levure *S.cerevisiae*, SDC25, structurellement très voisin de CDC25, a été isolé et caractérisé. Le domaine actif de SDC25 semble être un facteur d'échange capable d'agir *in vitro* et *in vivo* sur les protéines ras. Ce domaine constitue le premier constituant moléculaire décrit doué de cette activité.

20      Très récemment, une protéine de type GRF a été également mise en évidence chez la souris [Vanoni et Martegani, J. Cell. Bioch. Suppl. 16B (1992) 220].

25      Toutefois, jusqu'à aujourd'hui, aucune activité GRF n'a été isolée et caractérisée chez l'homme. La présente invention résulte précisément de la démonstration par la demanderesse de l'existence d'un facteur humain d'échange du GDP. La présente invention résulte plus particulièrement de l'identification, de l'isolement et de la caractérisation de peptides et de séquences nucléotidiques d'origine humaine, désignés hGRF et hSOS, capables de moduler l'état d'activation des protéines p21.

30      Un premier aspect de l'invention consiste donc en des peptides utilisables pharmaceutiquement. Plus particulièrement, un objet de l'invention réside dans des peptides capables de moduler les niveaux d'échange du GDP sur des complexes p21-GDP. Il est entendu que p21 désigne tout produit d'expression d'un gène ras normal ou oncogénique.

Plus particulièrement, les peptides de l'invention sont choisis parmi tout ou partie des séquences SEQ ID n° 2, 3, 4, 6 ou 8 ou d'un dérivé de celles-ci.

Au sens de la présente invention, le terme dérivé désigne toute molécule obtenue par modification de nature génétique et/ou chimique de ces séquences et conservant l'activité recherchée. Par modification de nature génétique et/ou chimique, on doit entendre toute mutation, substitution, délétion, addition et/ou modification d'un ou plusieurs résidus. De tels dérivés peuvent être générés dans des buts différents, tels que notamment celui d'augmenter l'affinité du peptide pour son site d'interaction, celui d'améliorer ses niveaux de production, celui d'augmenter sa résistance à des protéases, celui d'augmenter son efficacité thérapeutique ou de réduire ses effets secondaires, ou celui de lui conférer de nouvelles propriétés pharmacocinétiques et/ou biologiques.

Dans un mode particulier de l'invention, les peptides de l'invention sont des peptides capables de stimuler l'échange du GDP sur le complexe p21-GDP.

Dans un autre mode particulier de l'invention, les peptides de l'invention sont des peptides capables de ralentir ou d'inhiber l'échange du GDP sur le complexe p21-GDP. De tels peptides sont préférentiellement des peptides capables d'antagoniser l'interaction du facteur d'échange du GDP avec le complexe p21-GDP. Il peut donc s'agir de fragments des séquences indiquées ci-dessus ou de dérivés de celles-ci. De tels fragments peuvent être générés de différentes façons. En particulier, ils peuvent être synthétisés par voie chimique, sur la base des séquences données dans la présente demande, en utilisant les synthétiseurs peptidiques connus de l'homme du métier. Ils peuvent également être synthétisés par voie génétique, par expression dans un hôte cellulaire d'une séquence nucléotidique codant pour le peptide recherché. Dans ce cas, la séquence nucléotidique peut être préparée chimiquement en utilisant un synthétiseur d'oligonucléotides, sur la base de la séquence peptidique donnée dans la présente demande et du code génétique. La séquence nucléotidique peut également être préparée à partir des séquences données dans la présente demande (SEQ ID n° 1, 5 et 7), par coupures enzymatiques, ligature, clonage, etc. selon les techniques connues de l'homme du métier, ou par criblage de banques d'ADN avec des sondes élaborées à partir de ces séquences. Par ailleurs, les peptides de l'invention capables de ralentir ou d'inhiber l'échange du GDP sur le complexe p21-GDP peuvent également être des peptides ayant une séquence correspondant au site d'interaction du facteur d'échange sur le complexe p21-GDP.

Un autre objet de l'invention réside dans des anticorps ou fragments d'anticorps polyclonaux ou monoclonaux dirigés contre un peptide tel que défini ci-avant. De tels anticorps peuvent être générés par des méthodes connues de l'homme du métier, compte tenu des enseignements donnés dans la présente demande. En particulier, ces anticorps peuvent être préparés par immunisation d'un animal contre un peptide de l'invention, prélèvement du sang, et isolement des anticorps. Ces anticorps peuvent également être générés par préparation d'hybridomes selon les techniques connues de l'homme de l'art.

Plus préférentiellement, les anticorps ou fragments d'anticorps de l'invention présentent la capacité d'inhiber au moins partiellement l'interaction du facteur d'échange avec le complexe p21-GDP. Ils peuvent ainsi être utilisés pour réguler l'état d'activation du produit des gènes ras.

Par ailleurs, ces anticorps peuvent également être utilisés pour détecter et/ou doser le facteur d'échange du GDP humain dans des échantillons biologiques, et de ce fait, pour renseigner sur l'état d'activation du produit des gènes ras.

La présente invention permet donc de générer des peptides dérivés des séquences SEQ ID n° 2-4, 6 et 8, ainsi que des anticorps dirigés contre ces peptides, présentant des propriétés biologiques intéressantes en vue d'une utilisation pharmaceutique. L'activité biologique des différents peptides et anticorps de l'invention sur l'échange du GDP peut être évaluée de différentes façon ainsi qu'ilustré dans les exemples.

L'invention fournit également des composés non peptidiques ou non exclusivement peptidiques utilisables pharmaceutiquement. Il est en effet possible, à partir des motifs protéiques actifs décrits dans la présente demande, de réaliser des molécules inhibitrices de la voie de signalisation dépendante des protéines ras non exclusivement peptidiques et compatibles avec une utilisation pharmaceutique. A cet égard, l'invention concerne l'utilisation d'un polypeptide de l'invention tel que décrit ci-avant pour la préparation de molécules non-peptidiques, ou non exclusivement peptidiques, actives pharmacologiquement sur les niveaux d'échange du GDP, par détermination des éléments structuraux de ce polypeptide qui sont importants pour son activité et reproduction de ces éléments par des structures non-peptidiques ou non exclusivement peptidiques. L'invention a aussi pour objet des compositions pharmaceutiques comprenant une ou plusieurs molécules ainsi préparées.

La présente invention a également pour objet toute séquence d'acide nucléique codant pour un polypeptide tel que défini ci-dessus. Plus préférentiellement, il s'agit d'une séquence choisie parmi :

- 5 (a) tout ou partie des séquences SEQ ID n° 1, 5 ou 7 ou de leur brin complémentaire,
- (b) toute séquence hybride avec une séquence (a) et codant pour un polypeptide selon l'invention, et
- (c) les séquences dérivées des séquences (a) et (b) en raison de la dégénérescence du code génétique.

10 Les différentes séquences nucléotidiques de l'invention peuvent être d'origine artificielle ou non. Il peut s'agir de séquences génomiques, d'ADNc, d'ARN, de séquences hybrides ou de séquences synthétiques ou semi-synthétiques. Ces séquences peuvent être obtenues par exemple par criblage de banques d'ADN (banque d'ADNc, banque d'ADN génomique) au moyen de sondes élaborées sur la base des 15 séquences SEQ ID n° 1, 5 ou 7. De telles banques peuvent être préparées à partir de cellules de différentes origines par des techniques classiques de biologie moléculaires connues de l'homme du métier. Les séquences nucléotidiques de l'invention peuvent également être préparées par synthèse chimique, notamment selon la méthode des phosphoramidites, ou encore par des méthodes mixtes incluant la modification 20 chimique ou enzymatique de séquences obtenues par criblage de banques.

Ces séquences nucléotidiques selon l'invention sont utilisables dans le domaine pharmaceutique, soit pour la production *in vitro* des peptides de l'invention, soit pour la réalisation de séquences antisens ou pour la production des peptides de l'invention dans le cadre d'une thérapie génique, soit encore pour la détection et le 25 diagnostic, par des expériences d'*hybridation*, de l'expression ou d'une surexpression d'un facteur d'échange du GDP amplifié, muté ou réarrangé dans des échantillons biologiques ou pour l'isolement de séquences homologues à partir d'autres sources cellulaires.

Pour la production des peptides de l'invention, les séquences nucléiques 30 définies ci-dessus sont généralement placées sous le contrôle de signaux permettant leur expression dans un hôte cellulaire. Le choix de ces signaux (promoteurs, terminateurs, séquence "leader" de sécrétion, etc) peut varier en fonction de l'hôte cellulaire utilisé. Préférentiellement, ces séquences nucléotidiques de l'invention font

partie d'un vecteur, qui peut être à réPLICATION AUTONOME ou intégratif. Plus particulièrement, des vecteurs à réPLICATION AUTONOME peuvent être préparés en utilisant des séquences à réPLICATION AUTONOME chez l'hôte choisi. S'agissant des vecteurs intégratifs, ceux-ci peuvent être préparés par exemple en utilisant des séquences homologues à certaines régions du génome de l'hôte, permettant, par recombinaison homologue, l'intégration du vecteur.

Les hôtes cellulaires utilisables pour la production des peptides de l'invention sont aussi bien des hôtes eucaryotes que procaryotes. Parmi les hôtes eucaryotes qui conviennent, on peut citer les cellules animales, les levures, ou les champignons. En particulier, s'agissant de levures, on peut citer les levures du genre *Saccharomyces*, *Kluyveromyces*, *Pichia*, *Schwanniomyces*, ou *Hansenula*. S'agissant de cellules animales, on peut citer les cellules COS, CHO, Cl27, etc. Parmi les champignons, on peut citer plus particulièrement *Aspergillus* ssp. ou *Trichoderma* ssp. Comme hôtes procaryotes, on préfère utiliser les bactéries suivantes *E.coli*, *Bacillus*, ou *Streptomyces*.

Les séquences d'acides nucléiques selon l'invention peuvent également servir à la réalisation d'oligonucléotides antisens ou d'antisens génétiques utilisables comme agents pharmaceutiques. L'inhibition de l'expression de certains oncogènes par des séquences antisens s'est avérée être une stratégie utile dans la compréhension du rôle de ces oncogènes et une voie particulièrement prometteuse dans la réalisation d'un traitement anticancéreux. Les séquences antisens sont des oligonucléotides de petite taille, complémentaire du brin codant d'un gène donné, et de ce fait capables d'hybrider spécifiquement avec l'ARNm transcrit, inhibant sa traduction en protéine. L'invention a ainsi pour objet les séquences antisens capables d'inhiber au moins partiellement la production de peptides stimulant l'échange du GDP sur des complexes p21-GDP. De telles séquences peuvent être constituées par tout ou partie des séquences nucléiques définies ci-avant. Il s'agit généralement de séquences ou de fragments de séquences complémentaires de séquences codant pour des peptides stimulant l'échange du GDP. De tels oligonucléotides peuvent être obtenus à partir des séquences SEQ ID n° 1, 5 ou 7, par fragmentation, etc, ou par synthèse chimique. De telles séquences peuvent être utilisées dans le cadre de thérapies géniques, pour le transfert et l'expression *in vivo* de séquences antisens ou de peptides capables de moduler les niveaux d'échanges du GDP sur les protéines ras. A cet égard, les séquences peuvent être incorporées dans des vecteurs, notamment d'origine virale.

L'invention concerne également, comme séquences nucléotidiques, les sondes nucléotidiques, synthétiques ou non, capables de s'hydrider avec les séquences nucléotidiques définies ci-avant qui codent pour un peptide de l'invention, ou avec l'ARNm correspondant. De telles sondes peuvent être utilisées *in vitro* comme outil de diagnostic, pour la détection de l'expression du facteur d'échange du GDP, ou encore pour la mise en évidence d'anomalies génétiques (mauvais épissage, polymorphisme, mutations ponctuelles, etc). De telles sondes doivent être préalablement marquées, et pour cela différentes techniques sont connues de l'homme du métier. Les conditions d'hybridation dans lesquelles ces sondes peuvent être utilisées sont les conditions normales de stringence (voir notamment les techniques générales de clonage ci-après ainsi que les exemples). Ces sondes peuvent également être utilisées pour la mise en évidence et l'isolement de séquences d'acides nucléiques homologues codant pour un peptide de l'invention, à partir d'autres sources cellulaires, ainsi qu'ilustré dans les exemples.

15 L'invention a encore pour objet toute composition pharmaceutique comprenant comme principe actif au moins un peptide tel que défini ci-avant.

Elle a aussi pour objet toute composition pharmaceutique comprenant comme principe actif au moins un anticorps et/ou un fragment d'anticorps tel que défini ci-avant, ainsi que toute composition pharmaceutique comprenant comme principe actif au moins une séquence nucléotidique telle que définie ci-avant.

Par ailleurs, elle a aussi pour objet les compositions pharmaceutiques dans lesquelles les peptides, anticorps et séquence nucléotidique définis ci-avant sont associés entre-eux ou avec d'autres principes actifs.

Les compositions pharmaceutiques selon l'invention peuvent être utilisées pour moduler l'activation des protéines p21 et de ce fait pour moduler la prolifération de certains types cellulaires. Plus particulièrement, ces compositions pharmaceutiques sont destinées au traitement de cancers. De nombreux cancers ont en effet été associés à la présence de protéines ras oncogéniques. Parmi les cancers renfermant le plus souvent des gènes ras mutés, on peut citer notamment les adénocarcinomes du pancréas, dont 90 % ont un oncogène Ki-ras muté sur le douzième codon [Almoguera et coll., Cell 53 (1988) 549], les adénocarcinomes du colon et les cancers de la thyroïde (50 %), ou les carcinomes du poumon et les leucémies myéloïdes [30 %, Bos, J.L. Cancer Res. 49 (1989) 4682].

L'invention a encore pour objet l'utilisation des molécules décrites ci-dessus pour moduler l'activité des protéines p21. En particulier, l'invention concerne l'utilisation de ces molécules pour inhiber au moins partiellement l'activation des protéines p21.

5 L'invention fournit également un procédé de détection de l'expression et/ou d'une surexpression d'un gène ras dans un échantillon biologique. Un tel procédé comprend par exemple la mise en contact d'un tel échantillon avec un anticorps ou fragment d'anticorps selon l'invention, la révélation des complexes antigène-anticorps, et la comparaison des résultats obtenus avec un échantillon standard. Dans  
10 10 un tel procédé, l'anticorps peut être en suspension ou préalablement immobilisé sur un support. Ce procédé peut également comprendre la mise en contact de l'échantillon avec une sonde nucléotidique selon l'invention, la mise en évidence des hybrides obtenus, et la comparaison avec ceux obtenus dans le cas d'un échantillon standard.

La présente invention peut être utilisée dans le domaine thérapeutique : les  
15 peptides, anticorps et séquences nucléotidiques de l'invention étant capables de moduler l'activité des gènes ras, ils permettent en effet d'intervenir dans le processus de développement des cancers. Ainsi qu'ilustré dans les exemples, les séquences nucléotidiques de l'invention permettent notamment d'exprimer des peptides capables de complémer la thermosensibilité de levures portant une mutation cdc25. Elles  
20 permettent également d'exprimer des peptides capables de supprimer une mutation dominante RAS2ts, démontrant une compétition avec le produit normal d'expression du gène CDC25 pour l'interaction avec les protéines p21. L'invention peut également être utilisée dans le domaine du diagnostic et du typage de cancers : les anticorps et sondes nucléotidiques de l'invention permettent en effet l'identification des cancers  
25 dans lesquels un gène ras est impliqué ainsi que le diagnostic de cancers liés à la surexpression d'un gène ras normal ou oncogénique.

D'autres avantages de la présente invention apparaîtront à la lecture des exemples qui suivent, qui doivent être considérés comme illustratifs et non limitatifs.

#### Légende des figures

30 Figure 1 : Test de transactivation : Cette figure présente en ordonnée les niveaux d'activité CAT (% par rapport au bruit de fond) des souches CHO recombinantes, en fonction de la séquence d'ADNc utilisée pour la transformation.

Figure 2 : Test d'activité d'échange du GTP : Cette figure présente en ordonnée le rapport des formes p21-GDP/p21-GTP des souches CHO recombinantes, en fonction de la séquence d'ADNc utilisée pour la transformation.

5 Figure 3 : Test d'activité d'échange du GDP *in vitro* : Cette figure montre, en fonction du temps et pour 2 concentrations d'un peptide de l'invention, la diminution de la proportion de GDP restant lié à la protéine p21.

### Techniques générales de clonage

10 Les méthodes classiquement utilisées en biologie moléculaire telles que les extractions préparatives d'ADN plasmidique, la centrifugation d'ADN plasmidique en gradient de chlorure de césium, l'électrophorèse sur gels d'agarose ou d'acrylamide, la purification de fragments d'ADN par électroélution, les extractions de protéines au phénol ou au phénol-chloroforme, la précipitation d'ADN en milieu salin par de l'éthanol ou de l'isopropanol, la transformation dans *Escherichia coli*, etc, sont bien connues de l'homme de métier et sont abondamment décrites dans la littérature [Maniatis T. et al., "Molecular Cloning, a Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, N.Y., 1982; Ausubel F.M. et al. (eds), "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley & Sons, New York, 1987].

15 20 Les enzymes de restriction ont été fournies par New England Biolabs (Biolabs), Bethesda Research Laboratories (BRL) ou Amersham et sont utilisées selon les recommandations des fournisseurs.

Les plasmides de type pBR322, pUC, λgt11, pGEX 2T et les phages de la série M13 sont d'origine commerciale.

25 Pour les ligatures, les fragments d'ADN sont séparés selon leur taille par électrophorèse en gels d'agarose ou d'acrylamide, extraits au phénol ou par un mélange phénol/chloroforme, précipités à l'éthanol puis incubés en présence de l'ADN ligase du phage T4 (Biolabs) selon les recommandations du fournisseur.

30 Le remplissage des extrémités 5' proéminentes est effectué par le fragment de Klenow de l'ADN Polymérase I d'*E. coli* (Biolabs) selon les spécifications du fournisseur. La destruction des extrémités 3' proéminentes est effectuée en présence de l'ADN Polymérase du phage T4 (Biolabs) utilisée selon les recommandations du fabricant. La destruction des extrémités 5' proéminentes est effectuée par un traitement ménagé par la nucléase S1.

La mutagénèse dirigée *in vitro* par oligodéoxynucléotides synthétiques est effectuée selon la méthode développée par Taylor et al. [Nucleic Acids Res. **13** (1985) 8749-8764] en utilisant le kit distribué par Amersham.

5 L'amplification enzymatique de fragments d'ADN par la technique dite de PCR [Polymérase-catalyzed Chain Reaction, Saiki R.K. et al., Science **230** (1985) 1350-1354 ; Mullis K.B. et Faloona F.A., Meth. Enzym. **155** (1987) 335-350] est effectuée en utilisant un "DNA thermal cycler" (Perkin Elmer Cetus) selon les spécifications du fabricant.

10 La vérification des séquences nucléotidiques est effectuée par la méthode développée par Sanger et al. [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, **74** (1977) 5463-5467] en utilisant le kit distribué par Amersham.

15 Pour les expériences d'hybridation, les conditions de stringence normales sont généralement les suivantes : hybridation : 3 x SCC en présence de 5 x Denhart's à 65°C ; lavage : 0,5 x SSC à 65°C.

15 **1. Isolement du gène du facteur humain d'échange du GDP (hGRF)**

5.10<sup>5</sup> phages d'une banque de cerveau humain construite dans le vecteur λgt11 [Skolnik et al., Cell **65** (1991) 83] ont été criblés selon les techniques décrites par Sambrook, Fritsch et Maniatis (Molecular cloning ; Cold Spring Harbor Laboratory Press ; 1989).

20 La sonde utilisée pour le criblage de cette banque est un fragment d'ADNc humain de 137 paires de bases marqué au <sup>32</sup>P. Cette sonde a été préparée par PCR sur l'ADN total de la banque précitée en utilisant comme amorces les oligonucléotides dégénérés suivants :

- ATC	CGT	CAG	GTA	CAT	CCC	CAG	GTA	TGG	CAC	ACA
25	T	T			T	T		T	T	
	A	A			A	A		G	A	
	G				G			G		

pour l'oligonucléotide de l'extrémité 3' du fragment, et

- GCA	ATT	TTT	CGG	CTT	AAG	AAG	ACT	TGG	
30	T	C	C	A	C	A	A	C	
	C	A		T	G			A	
	G			C	A			G	

pour l'oligonucléotide de l'extrémité 5' du fragment.

La sonde a été marquée au  $^{32}\text{P}$  par "random priming" selon la technique de Feinberg et Vogelstein [Anal. Biochem. 137 (1984) 266], et la réaction de PCR a été menée à 40°C environ dans les conditions décrites dans les techniques générales de clonage.

5 Parmi les différents clones positifs obtenus par hybridation avec cette sonde, un comprend la totalité d'une phase ouverte qui porte l'activité d'échange vis-à-vis de Ha-Ras.

10 Ce clone de  $\lambda\text{gt}11$  contient un ADNc de 3 kb qui a été introduit, sous forme d'un fragment EcoRI, au site correspondant d'un vecteur M13mp18. Cet ADNc a ensuite été séquencé à l'aide des amores commerciales "reverse" et "-20" ainsi qu'à l'aide d'oligonucléotides spécifiques selon la technique de Sanger (Cf techniques générales de clonage).

15 La séquence nucléotidique du gène du facteur humain d'échange du GDP porté par le fragment ainsi obtenu est présentée sur la séquence SEQ ID n° 1, ainsi que les séquences peptidiques déduites (SEQ ID n° 2, 3 et 4).

## 2. Préparation de sous fragments

Différents dérivés ou fragments du gène ainsi obtenu peuvent être préparés et utilisés, notamment pour l'expression de peptides de l'invention. En particulier, les fragments suivants ont été préparés par coupure enzymatique, et séparés par électroélution :

- un fragment PstI-EcoRI comprenant une partie de la région codante du facteur d'échange (du nucléotide 936 jusqu'au codon stop) ainsi que la région 3' non codante du fragment;
- un fragment EcoNI-EcoRI comprenant une partie de la région codante du facteur d'échange (du nucléotide 910 jusqu'au codon stop) ainsi que la région 3' non codante du fragment,
- un fragment EagI-EcoRI comprenant une partie de la région codante du facteur d'échange (du nucléotide 638 jusqu'au codon stop) ainsi que la région 3' non codante du fragment,
- 30 - un fragment Ball-EcoRI comprenant une partie de la région codante du facteur d'échange (du nucléotide 88 jusqu'au codon stop) ainsi que la région 3' non codante du fragment, et,

- un fragment NaeI-EcoRI comprenant une partie de la région codante du facteur d'échange (du nucléotide 196 jusqu'au codon stop) ainsi que la région 3' non codante du fragment,

Il est entendu que la région 3' non codante portée par ces fragments est 5 accessoire et qu'elle peut être éliminée, soit par digestion au moyen d'une nucléase, soit par coupure avec une enzyme ayant un site proche du codon stop, telle que notamment SmaI, dont le site est localisé environ 30 pb après le codon stop.

Il est entendu également que d'autres fragments peuvent être préparés, tels que notamment des fragments ne contenant pas la région codant pour la partie 10 C-terminale entière, ainsi que des dérivés de ces fragments, obtenus par mutation, substitution, addition, ou modification de nature chimique et/ou génétique.

### 3. Caractérisation biologique

Les fonctionnalités des peptides selon l'invention ont été testées :

15

- dans des cellules mammifères,
- dans la levure *Saccharomyces cerevisiae*, ou encore
- *in vitro* sur la protéine Ha-Ras recombinante.

3.1. Pour l'évaluation fonctionnelle dans les cellules mammifères, les séquences d'ADN codant pour des peptides de l'invention, tels que par exemple ceux 20 décrits dans l'exemple 2, peuvent être placées sous contrôle du promoteur précoce de SV40 dans le vecteur pCym1 décrit par Camonis et al. [Gene 86 (1990) 263].

Dans cet exemple, les fragments PstI-EcoRI et EcoNI-EcoRI décrit dans l'exemple 2 ont été insérés dans ce vecteur.

Les vecteurs ainsi obtenus ont été testés par transfection transitoire dans des 25 cellules CHO selon le protocole décrit par Rey et al. [Oncogene 6 (1991) 347].

Deux critères de fonctionnalité ont ainsi été étudiés :

30

- la capacité des vecteurs à transactiver un promoteur gouvernant l'expression d'un gène reporteur qui est ici le gène bactérien codant pour la chloramphénicol acétyl transférase (gène CAT),
- leur capacité à promouvoir la charge en GTP des protéines Ras des cellules CHO transfectées.

a) Pour les tests de transactivation, des cellules CHO à 50 % de confluence ont été transfectées (voir par exemple le protocole décrit par Schweighoffer et al.

Science, In Press) d'une part avec 0,5 µg d'un vecteur portant le gène CAT sous contrôle d'un promoteur synthétique composé du promoteur murin du gène de la thymidine kinase et de 4 éléments PEA1 répétés dérivés de l'enhancer du polyôme [Wasyluk et al., EMBO J. 7 (1988) 2475], et d'autre part avec 4,5 µg d'un vecteur d'expression portant, sous contrôle du promoteur précoce de SV40, aucun ADNc codant (piste 1), l'ADNc de Ha-Ras normal (piste 2), l'ADNc de Ha-Ras activé en 12 (Val 12) (piste 3), l'extrémité 3' du cDNA de SDC25 décrite par Rey et al. précitée (piste 4), et l'ADNc codant pour un peptide selon l'invention décrit ci-dessus (piste 5).

Les résultats sont présentés sur la figure 1. La piste 1 correspondant à l'activation basale, la piste 3 (obtenue pour le fragment PstI-EcoRI : CDC hum.) montre que l'expression d'un peptide de l'invention permet la transactivation du promoteur synthétique utilisé.

Le même résultat qualitatif a été obtenu pour les autres fragments étudiés.

b) De façon à vérifier que cette transactivation implique bien une charge nucléotidique des protéines ras des cellules CHO, les mêmes transfactions transitoires ont été réalisées, le milieu de culture étant additionné d'orthophosphate marqué au <sup>32</sup>P.

Ce protocole de marquage ainsi que celui de l'immunoprecipitation des protéines ras cellulaires est décrit par Rey et al. précitée. Les résultats obtenus sont présentés sur la figure 2. Ils montrent que les peptides de l'invention sont capables de moduler les niveaux d'échange du GDP sur les protéines ras puisque certains d'entre eux (peptide CDC Hum. exprimé par le fragment PstI-EcoRI décrit ci-avant) sont capables de promouvoir la charge en GTP des protéines ras de cellules CHO immunoprecipitées par l'anticorps Y 13-259.

3.2. Les peptides de l'invention ont également été testés fonctionnellement dans la levure *S.cerevisiae cdc25*. Pour cela, les vecteurs décrits précédemment (3.1.), qui sont des vecteurs navettes, ont été introduits dans la souche de levure OL97-1-11B [Cameron et Jacquet, Mol. Cell. Biol. 8 (1988) 2980]. Les résultats obtenus montrent que les fragments d'ADNc selon l'invention codent pour des peptides qui sont capables de compléter le défaut de croissance de cette souche à 36°C. Ces résultats montrent ainsi que ces fragments codent pour des peptides fonctionnels *in vivo* dans *S.cerevisiae*.

3.3. La capacité des séquences d'ADN de l'invention à coder pour des peptides capables de promouvoir l'échange du GDP sur des protéines Ha-Ras purifiées a également été démontrée *in vitro* selon le protocole décrit par Rey et al. Mol. Cell. Biol. 9 (1989) 3904].

5 Pour cela les séquences de l'invention sont exprimées dans la souche d'*E.coli* TG1 sous forme de protéines de fusion avec la glutathion S-transférase (GST) selon la technique décrite par Smith et Johnson [Gene 67 (1988) 31]. Pour cela, les différents fragments d'ADN décrits en 3.1. ci-dessus ont été clonés, sous forme de fragments SmaI-EcoRI, dans le vecteur pGEX 2T (Pharmacia), en 3' et en phase d'un  
10 ADNc codant pour la GST. Les fragments SmaI-EcoRI sont obtenus par ajout d'un adaptateur au moyen d'une ligase. Les vecteurs ainsi obtenus sont ensuite utilisés pour transformer la souche *E.coli* TG1. Les cellules ainsi transformées sont précultivées une nuit à 37°C, diluées au 1/10e dans du milieu LB, ajoutées d'IPTG pour induire l'expression (2 heures, 25°C), puis cultivées 21 heures environ à 25°C.  
15 Les cellules sont ensuite lysées, et les protéines de fusions produites sont purifiées par affinité sur colonne Agarose-GSH. Pour cela, le lysat bactérien est incubé en présence du gel (préparé et équilibré avec le tampon de lyse) pendant 15 minutes à 4°C. Après 3 lavages avec un tampon Tris-HCl pH 7,4, les protéines sont élues en présence d'un tampon Tris-HCl pH 7,7 contenant un excès de GSH. Le surnageant est  
20 récolté et centrifugé.

25 L'activité d'échange du GDP des peptides de l'invention sur des protéines Ha-Ras purifiées a ensuite été démontrée *in vitro* selon le protocole décrit par Rey et al. (Mol. Cell. Biol. précitée). Les résultats obtenus sont présentés sur la figure 3. Ils montrent notamment que le peptide de l'invention correspondant à la séquence CDC hum exprimée par le fragment PstI-EcoRI décrit ci-avant stimule l'échange du GDP.

#### 4. Mise en évidence de séquences homologues

Des séquences d'acides nucléiques homologues à celle présentée sur la figure 1 ont été mises en évidence par deux stratégies différentes :

30 - par PCR, dans les conditions décrites dans les techniques générales de clonage, sur des ADNc néosynthétisés à partir d'ARNm de placenta, en utilisant comme amorces des oligonucléotides dégénérés choisis pour recouvrir des séquences conservées entre la séquence SEQ ID n°1 et la séquence de la protéine SOS [Bonfini et al., Science 255 (1992) 603].

- Par criblage d'une banque d'ADNc de placenta à l'aide d'une sonde constituée par la totalité de la séquence SEQ ID n°1 marquée au  $^{32}\text{P}$ . Ce criblage a été réalisé dans des conditions de faible stringence : hybridation à 50°C en milieu 5 x SSC, 5 x Denhart's; puis lavage à 50°C en milieu 2 x SSC.

5 Ces deux stratégies ont permis de révéler des séquences homologues à la séquence SEQ ID n°1. Ces séquences peuvent être aisément isolées et caractérisées. Elles constituent des séquences nucléiques au sens de la présente invention, lorsqu'elles codent (ou leurs fragments ou dérivés) pour des peptides capables de moduler les niveaux d'échanges du GDP sur des complexes p21-GDP.

10 En particulier, cette stratégie a permis l'identification, à partir d'ARNm de placenta et en utilisant les oligonucléotides oligo 2449 (SEQ ID n° 9) et oligo 2451 (SEQ ID n° 10), de 2 ADNc codant pour des facteurs désignés hSOS1 et hSOS2, dont les séquences partielles sont représentées sur les SEQ ID n° 5 et SEQ ID n° 7 respectivement. Les ARNm correspondant à ces facteurs sont présents dans tous les 15 tissus dans lesquels ils ont été recherchés, contrairement au facteur décrit dans l'exemple 1 qui semble localisé uniquement dans le cerveau. La localisation chromosomique de ces gènes a été effectuée et a donné les résultats suivants :

20 - h-GRF : 15q2.4.  
- h-SOS1 : 4q2.1.  
- h-SOS2 : 14q2.2.

##### 5. Recherche de facteurs d'échange de type h-GRF dans d'autres tissus

Un anticorps anti h-GRF a été préparé chez le lapin, par immunisation avec un antigène correspondant au fragment de 280 acides aminés localisé entre les résidus 211 et 489 du facteur h-GRF présenté sur la SEQ ID n° 4.

25 Cet anticorps a permis la détection, par ELISA, dans du cortex humain et des cellules précurseur du cerveau, de protéines de poids moléculaires apparents 30, 55, 75, 95 et 140 kDa. La diversité des poids moléculaires suggère la présence d'ADNc multiples. La préincubation de l'anticorps anti h-GRF avec le h-GRF supprime la détection des protéines identifiées, ce qui démontre la spécificité du 30 signal.

## LISTE DE SEQUENCES

## (1) INFORMATION GENERALE:

5

## (i) DEPOSANT:

- (A) NOM: RHONE-POULENC RORER S.A.
- (B) RUE: 20, avenue Raymond ARON
- (C) VILLE: ANTONY
- (D) PAYS: FRANCE
- (F) CODE POSTAL: 92165

10

(ii) TITRE DE L' INVENTION: PEPTIDES INHIBANT L'ACTIVITE DES  
PROTEINES RAS, PREPARATION ET UTILISATION

15

(iii) NOMBRE DE SEQUENCES: 10

20

## (iv) FORME LISIBLE PAR ORDINATEUR:

- (A) TYPE DE SUPPORT: Tape
- (B) ORDINATEUR: IBM PC compatible
- (C) SYSTEME D' EXPLOITATION: PC-DOS/MS-DOS
- (D) LOGICIEL: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (OEB)

25

## (2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 1:

30

## (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 2652 paires de bases
- (B) TYPE: acide nucléique
- (C) NOMBRE DE BRINS: double
- (D) CONFIGURATION: linéaire

35

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNC

40

(iii) HYPOTHETIQUE: NON

(iii) ANTI-SENS: NON

45

## (ix) CARACTERISTIQUE ADDITIONNELLE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT: 1..2445

50

## (ix) CARACTERISTIQUE ADDITIONNELLE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT: 445..2445 (SEQ ID NO 3)

55

## (ix) CARACTERISTIQUE ADDITIONNELLE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT: 976..2445 (SEQ ID NO 4)

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 1:

55.	GGC GAT GGC TGT AAG ATC CTC CTG GAC ACC AGC CAG ACC TTT GTG AGA Gly Asp Gly Cys Lys Ile Leu Leu Asp Thr Ser Gln Thr Phe Val Arg 1 5 10 15	48
60.	CAA GGT TCC CTC ATT CAG GTG CCC ATG TCT GAA AAG GGC AAG ATC ACC Gln Gly Ser Leu Ile Gln Val Pro Met Ser Glu Lys Gly Lys Ile Thr 20 25 30	96
	AGG GGG CGC CTG GGG TCT CTC TCC CTA AAG AAA GAG GGC GAG CGA CAG	144

	Arg Gly Arg Leu Gly Ser Leu Ser Leu Lys Lys Glu Gly Glu Arg Gln	
	35 40 45	
5	TGC TTC CTG TTT TCT AAG CAT CTG ATT ATC TGT ACC AGA GGC TCT GGA Cys Phe Leu Phe Ser Lys His Leu Ile Ile Cys Thr Arg Gly Ser Gly 50 55 60	192
10	GGG AAG CTT CAC TTG ACC AAG AAT GGA GTC ATA TCC CTC ATT GAC TGC Gly Lys Leu His Leu Thr Lys Asn Gly Val Ile Ser Leu Ile Asp Cys 65 70 75 80	240
15	ACT TTA TTG GAG GAG CCA GAA AGC ACG GAG GAG GAA GCC AAA GGA TCC Thr Leu Leu Glu Pro Glu Ser Thr Glu Glu Glu Ala Lys Gly Ser 85 90 95	288
20	GGC CAA GAC ATA GAT CAC TTG GAT TTT AAA ATC GGG GTG GAG CCA AAG Gly Gln Asp Ile Asp His Leu Asp Phe Lys Ile Gly Val Glu Pro Lys 100 105 110	336
25	GAT TCC CCG CCC TTT ACA GTC ATC CTA GTG GCC TCG TCC AGA CAG GAG Asp Ser Pro Pro Phe Thr Val Ile Leu Val Ala Ser Ser Arg Gln Glu 115 120 125	384
30	AAG GCA GCG TGG ACC AGT GAC ATC AGC CAG TGT GTT GGT AAC ATC CGA Lys Ala Ala Trp Thr Ser Asp Ile Ser Gln Cys Val Gly Asn Ile Arg 130 135 140	432
35	TGC AAT GGG CTC ATG ATG AAG CCA TTT GAA GAA AAT TCC AAG GTC ACT Cys Asn Gly Leu Met Met Lys Pro Phe Glu Glu Asn Ser Lys Val Thr 145 150 155 160	480
40	GTG CCG CAG ATG ATC AAG TCC GAC GCC TCC TTA TAT TGT GAT GAT GTT Val Pro Gln Met Ile Lys Ser Asp Ala Ser Leu Tyr Cys Asp Asp Val 165 170 175	528
45	GAC ATT CGC TTC AGC AAA ACC ATG AAC TCC TGC AAA GTG CTG CAG ATC Asp Ile Arg Phe Ser Lys Thr Met Asn Ser Cys Lys Val Leu Gln Ile 180 185 190	576
50	GCC TAC GCC AGT GTG GAG CGG CTG CTG GAG AGG CTG ACG GAC CTG CGC Ala Tyr Ala Ser Val Glu Arg Leu Leu Glu Arg Leu Thr Asp Leu Arg 195 200 205	624
55	TTC CTG AGC ATC GAC TTC CTC AAC ACC TTC CTG CAC TCC TAC CGC GTC Phe Leu Ser Ile Asp Phe Leu Asn Thr Phe Leu His Ser Tyr Arg Val 210 215 220	672
60	TTC ACC ACC GCC ATC GTG GTC CTG GAC AAG CTC ATT ACC ATC TAC AAG Phe Thr Thr Ala Ile Val Val Leu Asp Lys Leu Ile Thr Ile Tyr Lys 225 230 235 240	720
65	AAG CCT ATC AGT GCC ATT CCT GCC AGG TCG CTG GAG CTC CTG TTT GCC Lys Pro Ile Ser Ala Ile Pro Ala Arg Ser Leu Glu Leu Leu Phe Ala 245 250 255	768
70	AGT GGC CAG AAC AAT AAG CTC CTG TAC GGT GAA CCC CCC AAG TCC CCG Ser Gly Gln Asn Asn Lys Leu Leu Tyr Gly Glu Pro Pro Lys Ser Pro 260 265 270	816
75	CGC GCC ACC CGC AAG TTC TCC TCG CCG CCA CCT CTG TCC ATC ACC AAG Arg Ala Thr Arg Lys Phe Ser Ser Pro Pro Pro Leu Ser Ile Thr Lys 275 280 285	864

	ACA TCG TCA CCG AGC CGC CGG CGG AAG CTC TCC CTG AAC ATC CCC ATC Thr Ser Ser Pro Ser Arg Arg Arg Lys Leu Ser Leu Asn Ile Pro Ile 290 295 300	912
5	ATC ACT GGC GGC AAG GCC CTG GAC CTG GCC GCC CTC AGC TGC AAC TCC Ile Thr Gly Gly Lys Ala Leu Asp Leu Ala Ala Leu Ser Cys Asn Ser 305 310 315 320	960
10	AAT GGC TAC ACC AGC ATG TAC TCG GCC ATG TCA CCC TTC AGC AAG GCC Asn Gly Tyr Thr Ser Met Tyr Ser Ala Met Ser Pro Phe Ser Lys Ala 325 330 335	1008
15	ACG CTG GAC ACC AGC AAG CTC TAT GTG TCC AGC AGC TTC ACC AAC AAG Thr Leu Asp Thr Ser Lys Leu Tyr Val Ser Ser Phe Thr Asn Lys 340 345 350	1056
20.	ATT CCA GAT GAG GGC GAT ACG ACC CCT GAG AAG CCC GAA GAC CCT TCA Ile Pro Asp Glu Gly Asp Thr Thr Pro Glu Lys Pro Glu Asp Pro Ser 355 360 365	1104
	GCG CTC AGC AAG CAG AGC TCA GAA GTC TCC ATG AGA GAG GAG TCA GAT Ala Leu Ser Lys Gln Ser Ser Glu Val Ser Met Arg Glu Glu Ser Asp 370 375 380	1152
25	ATT GAT CAA AAC CAG AGT GAT GAT GGT GAT ACT GAA ACA TCA CCA ACT Ile Asp Gln Asn Gln Ser Asp Asp Gly Asp Thr Glu Thr Ser Pro Thr 385 390 395 400	1200
30	AAA TCT CCA ACA ACA CCC AAA TCA GTC AAA AAC AAA AAT TCT TCA GAG Lys Ser Pro Thr Thr Pro Lys Ser Val Lys Asn Lys Asn Ser Ser Glu 405 410 415	1248
35	TTC CCA CTC TTT TCC TAT AAC AAT GGA GTC GTC ATG ACC TCC TGT CGT Phe Pro Leu Phe Ser Tyr Asn Asn Gly Val Val Met Thr Ser Cys Arg 420 425 430	1296
40	GAA CTG GAC AAT AAC CGC AGT GCC TTG TCG GCC GCC TCT GCC TTT GCC Glu Leu Asp Asn Asn Arg Ser Ala Leu Ser Ala Ala Ser Ala Phe Ala 435 440 445	1344
	ATA GCA ACC GCC GGG GCC AAC GAG GGC ACC CCA AAC AAG GAG AAG TAC Ile Ala Thr Ala Gly Ala Asn Glu Gly Thr Pro Asn Lys Glu Lys Tyr 450 455 460	1392
45	CGG AGG ATG TCC TTA GCC AGT GCA GGG TTT CCC CCA GAC CAG AGG AAT Arg Arg Met Ser Leu Ala Ser Ala Gly Phe Pro Pro Asp Gln Arg Asn 465 470 475 480	1440
50	GGA GAC AAG GAG TTT GTG ATC CGC AGA GCA GCC ACC AAT CGT GTC TTG Gly Asp Lys Glu Phe Val Ile Arg Arg Ala Ala Thr Asn Arg Val Leu 485 490 495	1488
55	AAC GTG CTC CGC CAC TGG GTG TCC AAG CAC TCT CAG GAC TTT GAG ACC Asn Val Leu Arg His Trp Val Ser Lys His Ser Gln Asp Phe Glu Thr 500 505 510	1536
60	AAC GAT GAG CTC AAA TGC AAG GTG ATC GGC TTC CTG GAA GAA GTC ATG Asn Asp Glu Leu Lys Cys Lys Val Ile Gly Phe Leu Glu Glu Val Met 515 520 525	1584
	CAC GAC CCG GAG CTC CTG ACC CAG GAG CGG AAG GCT GCA GCC AAC ATC His Asp Pro Glu Leu Leu Thr Gln Glu Arg Lys Ala Ala Asn Ile 530 535 540	1632

	ATC AGG ACT CTG ACC CAG GAG GAC CCA GGT GAC AAC CAG ATC ACG CTG Ile Arg Thr Leu Thr Gln Glu Asp Pro Gly Asp Asn Gln Ile Thr Leu 545 550 555 560	1680
5	GAG GAG ATC ACG CAG ATG GCT GAA GGC GTG AAG GCT GAG CCC TTT GAA Glu Glu Ile Thr Gln Met Ala Glu Gly Val Lys Ala Glu Pro Phe Glu 565 570 575	1728
10	AAC CAC TCA GCC CTG GAG ATC GCG GAG CAG CTG ACC CTG CTA GAT CAC Asn His Ser Ala Leu Glu Ile Ala Glu Gln Leu Thr Leu Leu Asp His 580 585 590	1776
15	CTC GTC TTC AAG AAG ATT CCT TAT GAG GAG TTC TTC GGA CAA GGA TGG Leu Val Phe Lys Lys Ile Pro Tyr Glu Glu Phe Phe Gly Gln Gly Trp 595 600 605	1824
20	ATG AAA CTG GAA AAG AAT GAA AGG ACC CCT TAT ATC ATG AAA ACC ACT Met Lys Leu Glu Lys Asn Glu Arg Thr Pro Tyr Ile Met Lys Thr Thr 610 615 620	1872
25	AAG CAC TTC AAT GAC ATC AGT AAC TTG ATT GCT TCA GAA ATC ATC CGC Lys His Phe Asn Asp Ile Ser Asn Leu Ile Ala Ser Glu Ile Ile Arg 625 630 635 640	1920
30	AAT GAG GAC ATC AAC GCC AGG GTG AGC GCC ATC GAG AAG TGG GTG GCC Asn Glu Asp Ile Asn Ala Arg Val Ser Ala Ile Glu Lys Trp Val Ala 645 650 655	1968
35	GTA GCT GAC ATA TGC CGC TGC CTC CAC AAC TAC AAT GCC GTA CTG GAG Val Ala Asp Ile Cys Arg Cys Leu His Asn Tyr Asn Ala Val Leu Glu 660 665 670	2016
40	ATC ACC TCG TCC ATG AAC CGC AGT GCA ATC TTC CGG CTC AAA AAG ACG Ile Thr Ser Ser Met Asn Arg Ser Ala Ile Phe Arg Leu Lys Lys Thr 675 680 685	2064
45	TGG CTC AAA GTC TCT AAG CAG ACT AAA GCT TTG ATT GAT AAG CTC CAA Trp Leu Lys Val Ser Lys Gln Thr Lys Ala Leu Ile Asp Lys Leu Gln 690 695 700	2112
50	AAG CTT GTG TCA TCT GAG GGC AGA TTT AAG AAT CTC AGA GAA GCT TTG Lys Leu Val Ser Ser Glu Gly Arg Phe Lys Asn Leu Arg Glu Ala Leu 705 710 715 720	2160
55	AAA AAT TGT GAC CCA CCC TGT GTC CCT TAC CTG GGG ATG TAC CTC ACC Lys Asn Cys Asp Pro Pro Cys Val Pro Tyr Leu Gly Met Tyr Leu Thr 725 730 735	2208
60	GAC CTG GCC TTC ATC GAG GAG GGG ACG CCC AAT TAC ACG GAA GAC GGC Asp Leu Ala Phe Ile Glu Gly Thr Pro Asn Tyr Thr Glu Asp Gly 740 745 750	2256
65	CTG GTC AAC TTC TCC AAG ATG AGG ATG ATA TCC CAT ATT ATC CGA GAG Leu Val Asn Phe Ser Lys Met Arg Met Ile Ser His Ile Ile Arg Glu 755 760 765	2304
70	ATT CGC CAG TTT CAA CAA ACT GCC TAC AAA ATA GAG CAC CAA GCA AAG Ile Arg Gln Phe Gln Gln Thr Ala Tyr Lys Ile Glu His Gln Ala Lys 770 775 780	2352
75	GTA ACG CAA TAT TTA CTG GAC CAA TCT TTT GTA ATG GAT GAA GAA AGC Val Thr Gln Tyr Leu Leu Asp Gln Ser Phe Val Met Asp Glu Ser	2400

	785	790	795	800	
5	CTC TAC GAG TCT TCT CTC CGA ATA GAA CCA AAA CTC CCC ACC TGAAGCTGTG Leu Tyr Glu Ser Ser Leu Arg Ile Glu Pro Lys Leu Pro Thr	805	810	815	2452
10	CCCAGCCAG ACCCAGCTGC TCCCCGGGAC ATGTGCTAGA TGATACTGTA CATATTGTT TGGTTTCACT GGATTTCTT CTTCAGTATG TGCTTCTCCA AGAATACAAA TCGTCCCTGT TCTTAGATTC CTGTAGAACCC GGAATATGAA TTTCTGCACC GTTTCAGACT TCGCCCCACCC ATCCCTCCCC TCGCCCCGAAT				2512 2572 2632 2652
15	(2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 2:				
20	(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE: (A) LONGUEUR: 814 acides aminé (B) TYPE: acide aminé (D) CONFIGURATION: linéaire				
25	(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine				
30	(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 2:				
35	Gly Asp Gly Cys Lys Ile Leu Leu Asp Thr Ser Gln Thr Phe Val Arg 1 5 10 15				
40	Gln Gly Ser Leu Ile Gln Val Pro Met Ser Glu Lys Gly Lys Ile Thr 20 25 30				
45	Arg Gly Arg Leu Gly Ser Leu Ser Leu Lys Lys Glu Gly Glu Arg Gln 35 40 45				
50	Cys Phe Leu Phe Ser Lys His Leu Ile Ile Cys Thr Arg Gly Ser Gly 50 55 60				
55	Gly Lys Leu His Leu Thr Lys Asn Gly Val Ile Ser Leu Ile Asp Cys 65 70 75 80				
60	Thr Leu Leu Glu Glu Pro Glu Ser Thr Glu Glu Glu Ala Lys Gly Ser 85 90 95				
65	Gly Gln Asp Ile Asp His Leu Asp Phe Lys Ile Gly Val Glu Pro Lys 100 105 110				
70	Asp Ser Pro Pro Phe Thr Val Ile Leu Val Ala Ser Ser Arg Gln Glu 115 120 125				
75	Lys Ala Ala Trp Thr Ser Asp Ile Ser Gln Cys Val Gly Asn Ile Arg 130 135 140				
80	Cys Asn Gly Leu Met Met Lys Pro Phe Glu Glu Asn Ser Lys Val Thr 145 150 155 160				
85	Val Pro Gln Met Ile Lys Ser Asp Ala Ser Leu Tyr Cys Asp Asp Val 165 170 175				
90	Asp Ile Arg Phe Ser Lys Thr Met Asn Ser Cys Lys Val Leu Gln Ile 180 185 190				
95	Ala Tyr Ala Ser Val Glu Arg Leu Leu Glu Arg Leu Thr Asp Leu Arg				

	195	200	205
5	Phe Leu Ser Ile Asp Phe Leu Asn Thr Phe Leu His Ser Tyr Arg Val 210 215 220		
	Phe Thr Thr Ala Ile Val Val Leu Asp Lys Leu Ile Thr Ile Tyr Lys 225 230 235 240		
10	Lys Pro Ile Ser Ala Ile Pro Ala Arg Ser Leu Glu Leu Leu Phe Ala 245 250 255		
	Ser Gly Gln Asn Asn Lys Leu Leu Tyr Gly Glu Pro Pro Lys Ser Pro 260 265 270		
15	Arg Ala Thr Arg Lys Phe Ser Ser Pro Pro Pro Leu Ser Ile Thr Lys 275 280 285		
20	Thr Ser Ser Pro Ser Arg Arg Arg Lys Leu Ser Leu Asn Ile Pro Ile 290 295 300		
	Ile Thr Gly Gly Lys Ala Leu Asp Leu Ala Ala Leu Ser Cys Asn Ser 305 310 315 320		
25	Asn Gly Tyr Thr Ser Met Tyr Ser Ala Met Ser Pro Phe Ser Lys Ala 325 330 335		
	Thr Leu Asp Thr Ser Lys Leu Tyr Val Ser Ser Ser Phe Thr Asn Lys 340 345 350		
30	Ile Pro Asp Glu Gly Asp Thr Thr Pro Glu Lys Pro Glu Asp Pro Ser 355 360 365		
35	Ala Leu Ser Lys Gln Ser Ser Glu Val Ser Met Arg Glu Glu Ser Asp 370 375 380		
	Ile Asp Gln Asn Gln Ser Asp Asp Gly Asp Thr Glu Thr Ser Pro Thr 385 390 395 400		
40	Lys Ser Pro Thr Thr Pro Lys Ser Val Lys Asn Lys Asn Ser Ser Glu 405 410 415		
	Phe Pro Leu Phe Ser Tyr Asn Asn Gly Val Val Met Thr Ser Cys Arg 420 425 430		
45	Glu Leu Asp Asn Asn Arg Ser Ala Leu Ser Ala Ala Ser Ala Phe Ala 435 440 445		
50	Ile Ala Thr Ala Gly Ala Asn Glu Gly Thr Pro Asn Lys Glu Lys Tyr 450 455 460 465		
	Arg Arg Met Ser Leu Ala Ser Ala Gly Phe Pro Pro Asp Gln Arg Asn 465 470 475 480		
55	Gly Asp Lys Glu Phe Val Ile Arg Arg Ala Ala Thr Asn Arg Val Leu 485 490 495		
	Asn Val Leu Arg His Trp Val Ser Lys His Ser Gln Asp Phe Glu Thr 500 505 510		
60	Asn Asp Glu Leu Lys Cys Lys Val Ile Gly Phe Leu Glu Glu Val Met 515 520 525		
	His Asp Pro Glu Leu Leu Thr Gln Glu Arg Lys Ala Ala Asn Ile		

	530	535	540
	Ile Arg Thr Leu Thr Gln Glu Asp Pro Gly Asp Asn Gln Ile Thr Leu		
5	545 . 550	555	560
	Glu Glu Ile Thr Gln Met Ala Glu Gly Val Lys Ala Glu Pro Phe Glu		
	565 570	575	
10	Asn His Ser Ala Leu Glu Ile Ala Glu Gln Leu Thr Leu Leu Asp His		
	580 585	590	
	Leu Val Phe Lys Lys Ile Pro Tyr Glu Glu Phe Phe Gly Gln Gly Trp		
	595 600	605	
15	Met Lys Leu Glu Lys Asn Glu Arg Thr Pro Tyr Ile Met Lys Thr Thr		
	610 615	620	
20	Lys His Phe Asn Asp Ile Ser Asn Leu Ile Ala Ser Glu Ile Ile Arg		
	625 630	635	640
	Asn Glu Asp Ile Asn Ala Arg Val Ser Ala Ile Glu Lys Trp Val Ala		
	645 650	655	
25	Val Ala Asp Ile Cys Arg Cys Leu His Asn Tyr Asn Ala Val Leu Glu		
	660 665	670	
	Ile Thr Ser Ser Met Asn Arg Ser Ala Ile Phe Arg Leu Lys Lys Thr		
	675 680	685	
30	Trp Leu Lys Val Ser Lys Gln Thr Lys Ala Leu Ile Asp Lys Leu Gln		
	690 695	700	
	Lys Leu Val Ser Ser Glu Gly Arg Phe Lys Asn Leu Arg Glu Ala Leu		
35	705 710	715	720
	Lys Asn Cys Asp Pro Pro Cys Val Pro Tyr Leu Gly Met Tyr Leu Thr		
	725 730	735	
40	Asp Leu Ala Phe Ile Glu Glu Gly Thr Pro Asn Tyr Thr Glu Asp Gly		
	740 745	750	
	Leu Val Asn Phe Ser Lys Met Arg Met Ile Ser His Ile Ile Arg Glu		
	755 760	765	
45	Ile Arg Gln Phe Gln Gln Thr Ala Tyr Lys Ile Glu His Gln Ala Lys		
	770 775	780	
	Val Thr Gln Tyr Leu Leu Asp Gln Ser Phe Val Met Asp Glu Glu Ser		
50	785 790	795	800
	Leu Tyr Glu Ser Ser Leu Arg Ile Glu Pro Lys Leu Pro Thr		
	805 810		

55 (2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 3:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
  - (A) LONGUEUR: 666 acides aminé
  - (B) TYPE: acide aminé
  - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 3:

Met Met Lys Pro Phe Glu Glu Asn Ser Lys Val Thr Val Pro Gln Met  
 1 . 5 10 15

Ile Lys Ser Asp Ala Ser Leu Tyr Cys Asp Asp Val Asp Ile Arg Phe  
 20 25 30

Ser Lys Thr Met Asn Ser Cys Lys Val Leu Gln Ile Ala Tyr Ala Ser  
 10 35 40 45

Val Glu Arg Leu Leu Glu Arg Leu Thr Asp Leu Arg Phe Leu Ser Ile  
 50 55 60

Asp Phe Leu Asn Thr Phe Leu His Ser Tyr Arg Val Phe Thr Thr Ala  
 15 65 70 75 80

Ile Val Val Leu Asp Lys Leu Ile Thr Ile Tyr Lys Lys Pro Ile Ser  
 20 85 90 95

Ala Ile Pro Ala Arg Ser Leu Glu Leu Leu Phe Ala Ser Gly Gln Asn  
 100 105 110

Asn Lys Leu Leu Tyr Gly Glu Pro Pro Lys Ser Pro Arg Ala Thr Arg  
 25 115 120 125

Lys Phe Ser Ser Pro Pro Pro Leu Ser Ile Thr Lys Thr Ser Ser Pro  
 130 135 140

Ser Arg Arg Arg Lys Leu Ser Leu Asn Ile Pro Ile Ile Thr Gly Gly  
 30 145 150 155 160

Lys Ala Leu Asp Leu Ala Ala Leu Ser Cys Asn Ser Asn Gly Tyr Thr  
 165 170 175

Ser Met Tyr Ser Ala Met Ser Pro Phe Ser Lys Ala Thr Leu Asp Thr  
 35 180 185 190

Ser Lys Leu Tyr Val Ser Ser Phe Thr Asn Lys Ile Pro Asp Glu  
 40 195 200 205

Gly Asp Thr Thr Pro Glu Lys Pro Glu Asp Pro Ser Ala Leu Ser Lys  
 210 215 220

Gln Ser Ser Glu Val Ser Met Arg Glu Glu Ser Asp Ile Asp Gln Asn  
 45 225 230 235 240

Gln Ser Asp Asp Gly Asp Thr Glu Thr Ser Pro Thr Lys Ser Pro Thr  
 50 245 250 255

Thr Pro Lys Ser Val Lys Asn Lys Asn Ser Ser Glu Phe Pro Leu Phe  
 260 265 270

Ser Tyr Asn Asn Gly Val Val Met Thr Ser Cys Arg Glu Leu Asp Asn  
 55 275 280 285

Asn Arg Ser Ala Leu Ser Ala Ala Ser Ala Phe Ala Ile Ala Thr Ala  
 290 295 300

Gly Ala Asn Glu Gly Thr Pro Asn Lys Glu Lys Tyr Arg Arg Met Ser  
 60 305 310 315 320

Leu Ala Ser Ala Gly Phe Pro Asp Gln Arg Asn Gly Asp Lys Glu

	325	330	335
	Phe Val Ile Arg Arg Ala Ala Thr Asn Arg Val Leu Asn Val Leu Arg		
5	340	345	350
	His Trp Val Ser Lys His Ser Gln Asp Phe Glu Thr Asn Asp Glu Leu		
	355	360	365
10	Lys Cys Lys Val Ile Gly Phe Leu Glu Glu Val Met His Asp Pro Glu		
	370	375	380
	Leu Leu Thr Gln Glu Arg Lys Ala Ala Ala Asn Ile Ile Arg Thr Leu		
	385	390	395
15	Thr Gln Glu Asp Pro Gly Asp Asn Gln Ile Thr Leu Glu Glu Ile Thr		
	405	410	415
	Gln Met Ala Glu Gly Val Lys Ala Glu Pro Phe Glu Asn His Ser Ala		
20	420	425	430
	Leu Glu Ile Ala Glu Gln Leu Thr Leu Leu Asp His Leu Val Phe Lys		
	435	440	445
25	Lys Ile Pro Tyr Glu Glu Phe Phe Gly Gln Gly Trp Met Lys Leu Glu		
	450	455	460
	Lys Asn Glu Arg Thr Pro Tyr Ile Met Lys Thr Thr Lys His Phe Asn		
	465	470	475
30	Asp Ile Ser Asn Ile Ile Ala Ser Glu Ile Ile Arg Asn Glu Asp Ile		
	485	490	495
	Asn Ala Arg Val Ser Ala Ile Glu Lys Trp Val Ala Val Ala Asp Ile		
35	500	505	510
	Cys Arg Cys Leu His Asn Tyr Asn Ala Val Leu Glu Ile Thr Ser Ser		
	515	520	525
40	Met Asn Arg Ser Ala Ile Phe Arg Leu Lys Lys Thr Trp Leu Lys Val		
	530	535	540
	Ser Lys Gln Thr Lys Ala Leu Ile Asp Lys Leu Gln Lys Leu Val Ser		
	545	550	560
45	Ser Glu Gly Arg Phe Lys Asn Leu Arg Glu Ala Leu Lys Asn Cys Asp		
	565	570	575
	Pro Pro Cys Val Pro Tyr Leu Gly Met Tyr Leu Thr Asp Leu Ala Phe		
50	580	585	590
	Ile Glu Glu Gly Thr Pro Asn Tyr Thr Glu Asp Gly Leu Val Asn Phe		
	595	600	605
55	Ser Lys Met Arg Met Ile Ser His Ile Ile Arg Glu Ile Arg Gln Phe		
	610	615	620
	Gln Gln Thr Ala Tyr Lys Ile Glu His Gln Ala Lys Val Thr Gln Tyr		
	625	630	635
60	Leu Leu Asp Gln Ser Phe Val Met Asp Glu Glu Ser Leu Tyr Glu Ser		
	645	650	655
	Ser Leu Arg Ile Glu Pro Lys Leu Pro Thr		

660

665

## (2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 4:

5

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
 (A) LONGUEUR: 489 acides aminé  
 (B) TYPE: acide aminé  
 (D) CONFIGURATION: linéaire

10

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 4:

15	Met	Tyr	Ser	Ala	Met	Ser	Pro	Phe	Ser	Lys	Ala	Thr	Leu	Asp	Thr	Ser
	1				5					10				15		
20	Lys	Leu	Tyr	Val	Ser	Ser	Ser	Phe	Thr	Asn	Lys	Ile	Pro	Asp	Glu	Gly
				20					25				30			
25	Asp	Thr	Thr	Pro	Glu	Lys	Pro	Glu	Asp	Pro	Ser	Ala	Leu	Ser	Lys	Gln
				35					40				45			
30	Ser	Ser	Glu	Val	Ser	Met	Arg	Glu	Glu	Ser	Asp	Ile	Asp	Gln	Asn	Gln
				50			55				60					
35	Ser	Asp	Asp	Gly	Asp	Thr	Glu	Thr	Ser	Pro	Thr	Lys	Ser	Pro	Thr	Thr
				65			70			75			80			
40	Pro	Lys	Ser	Val	Lys	Asn	Lys	Asn	Ser	Ser	Glu	Phe	Pro	Leu	Phe	Ser
				85					90			95				
45	Tyr	Asn	Asn	Gly	Val	Val	Met	Thr	Ser	Cys	Arg	Glu	Leu	Asp	Asn	Asn
				100			105			105			110			
50	Arg	Ser	Ala	Leu	Ser	Ala	Ala	Ser	Ala	Phe	Ala	Ile	Ala	Thr	Ala	Gly
				115			120				125					
55	Ala	Asn	Glu	Gly	Thr	Pro	Asn	Lys	Glu	Lys	Tyr	Arg	Arg	Met	Ser	Leu
				130			135				140					
60	Ala	Ser	Ala	Gly	Phe	Pro	Pro	Asp	Gln	Arg	Asn	Gly	Asp	Lys	Glu	Phe
				145			150			155			160			
65	Val	Ile	Arg	Arg	Ala	Ala	Thr	Asn	Arg	Val	Leu	Asn	Val	Leu	Arg	His
				165					170			175				
70	Trp	Val	Ser	Lys	His	Ser	Gln	Asp	Phe	Glu	Thr	Asn	Asp	Glu	Leu	Lys
				180					185			190				
75	Cys	Lys	Val	Ile	Gly	Phe	Leu	Glu	Glu	Val	Met	His	Asp	Pro	Glu	Leu
				195			200				205					
80	Leu	Thr	Gln	Glu	Arg	Lys	Ala	Ala	Ala	Asn	Ile	Ile	Arg	Thr	Leu	Thr
				210			215				220					
85	Gln	Glu	Asp	Pro	Gly	Asp	Asn	Gln	Ile	Thr	Leu	Glu	Glu	Ile	Thr	Gln
				225			230			235			240			
90	Met	Ala	Glu	Gly	Val	Lys	Ala	Glu	Pro	Phe	Glu	Asn	His	Ser	Ala	Leu
				245					250			255				
95	Glu	Ile	Ala	Glu	Gln	Leu	Thr	Leu	Leu	Asp	His	Leu	Val	Phe	Lys	Lys

	260	265	270
5	Ile Pro Tyr Glu Glu Phe Phe Gly Gln Gly Trp Met Lys Leu Glu Lys 275 280 285		
	Asn Glu Arg Thr Pro Tyr Ile Met Lys Thr Thr Lys His Phe Asn Asp 290 295 300		
10	Ile Ser Asn Leu Ile Ala Ser Glu Ile Ile Arg Asn Glu Asp Ile Asn 305 310 315 320		
	Ala Arg Val Ser Ala Ile Glu Lys Trp Val Ala Val Ala Asp Ile Cys 325 330 335		
15	Arg Cys Leu His Asn Tyr Asn Ala Val Leu Glu Ile Thr Ser Ser Met 340 345 350		
	Asn Arg Ser Ala Ile Phe Arg Leu Lys Lys Thr Trp Leu Lys Val Ser 355 360 365		
20	Lys Gln Thr Lys Ala Leu Ile Asp Lys Leu Gln Lys Leu Val Ser Ser 370 375 380		
	Glu Gly Arg Phe Lys Asn Leu Arg Glu Ala Leu Lys Asn Cys Asp Pro 385 390 395 400		
25	Pro Cys Val Pro Tyr Leu Gly Met Tyr Leu Thr Asp Leu Ala Phe Ile 405 410 415		
	Glu Glu Gly Thr Pro Asn Tyr Thr Glu Asp Gly Leu Val Asn Phe Ser 420 425 430		
30	Lys Met Arg Met Ile Ser His Ile Ile Arg Glu Ile Arg Gln Phe Gln 435 440 445		
	Gln Thr Ala Tyr Lys Ile Glu His Gln Ala Lys Val Thr Gln Tyr Leu 450 455 460		
35	Leu Asp Gln Ser Phe Val Met Asp Glu Glu Ser Leu Tyr Glu Ser Ser 465 470 475 480		
	Leu Arg Ile Glu Pro Lys Leu Pro Thr 485		

45 (2) INFORMATION POUR LA SEO ID NO: 5:

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 5:

5	ATT ACT AAA ATA ATC CAA AGG AAA AAA ATT GCA AGA GAC AAT GGA CCA Ile Thr Lys Ile Ile Gln Arg Lys Lys Ile Ala Arg Asp Asn Gly Pro 1 5 10 15	48
10	GGT CAT AAT ATT ACA TTT CAG AGT TCA CCT CCC ACA GTT GAG TGG CAT Gly His Asn Ile Thr Phe Gln Ser Ser Pro Pro Thr Val Glu Trp His 20 25 30	96
15	ATA AGC AGA CCT GGG CAC ATA GAG ACT TTT GAC CTG CTC ACC TTA CAC Ile Ser Arg Pro Gly His Ile Glu Thr Phe Asp Leu Leu Thr Leu His 35 40 45	144
20	CCA ATA GAA ATT GCT CGA CAA CTC ACT TTA CTT GAT TCA GAT CTA TAC Pro Ile Glu Ile Ala Arg Gln Leu Thr Leu Leu Asp Ser Asp Leu Tyr 50 55 60	192
25	CGA GCT GTA CAG CCA TCA GAT TTA GTT GGA AGT GTG TGG ACA AAA GAA Arg Ala Val Gln Pro Ser Asp Leu Val Gly Ser Val Trp Thr Lys Glu 65 70 75 80	240
30	GAC AAA GAA ATT AAC TCT CCT AAT CTT CTG AAA ATG ATT CGA CAT ACC Asp Lys Glu Ile Asn Ser Pro Asn Leu Leu Lys Met Ile Arg His Thr 85 90 95	288
35	ACC AAC CTC ACT CTG TGG TTT GAG AAA TGT ATT GTA GAA ACT GAA AAT Thr Asn Leu Thr Leu Trp Phe Glu Lys Cys Ile Val Glu Thr Glu Asn 100 105 110	336
40	TTA GAA GAA AGA GTA GCT GTG GTG AGT CGA ATT ATT GAG ATT CTA CAA Leu Glu Glu Arg Val Ala Val Val Ser Arg Ile Ile Glu Ile Leu Gln 115 120 125	384
45	GTC TTT CAA GAG TTG AAC AAC TTT AAT GGG GTC CTT GAG GTT GTC AGT Val Phe Gln Glu Leu Asn Asn Phe Asn Gly Val Leu Glu Val Val Ser 130 135 140	432
50	GCT ATG AAT TCC TCA CCT GTT TAC AGA CTA GAC CAC ACA TTT GAG CAA Ala Met Asn Ser Ser Pro Val Tyr Arg Leu Asp His Thr Phe Glu Gln 145 150 155 160	480
55	ATA CCA AGT CGC CAG AAG AAA ATT TTA GAA GAA GCT CAT GAA TTG AGT Ile Pro Ser Arg Gln Lys Lys Ile Leu Glu Glu Ala His Glu Leu Ser 165 170 175	528
60	GAA GAT CAC TAT AAG AAA TAT TTG GCA AAA CTC AGG TCT ATT AAT CCA Glu Asp His Tyr Lys Tyr Leu Ala Lys Leu Arg Ser Ile Asn Pro 180 185 190	576
65	CCA TGT GTG CCT TTC TTT GGA ATT TAT CTA CAT AAT ATC TTG AAA ACA Pro Cys Val Pro Phe Phe Gly Ile Tyr Leu His Asn Ile Leu Lys Thr 195 200 205	624
70	GAA GAA GGC AAC CCT GAG GTC CTA AAA AGA CAT GGA AAA GAG CTT ATA Glu Glu Gly Asn Pro Glu Val Leu Lys Arg His Gly Lys Glu Leu Ile 210 215 220	672
75	AAC TTT AGC AAA AGG AGG AAA GTA GCA GAA ATA ACA GGA GAG ATC CAG Asn Phe Ser Lys Arg Arg Lys Val Ala Glu Ile Thr Gly Glu Ile Gln 225 230 235 240	720

	CAG TAC CAA AAT CAG CCT TAC TGT TTA CGA GTA GAA TCA GAT ATC AAA Gln Tyr Gln Asn Gln Pro Tyr Cys Leu Arg Val Glu Ser Asp Ile Lys 245 250 255	768
5	AGG TTC TTT GAA AAC TTG AAT CCG ATG GGA AAT AGC ATG GAG AGG GAA Arg Phe Phe Glu Asn Leu Asn Pro Met Gly Asn Ser Met Glu Arg Glu 260 265 270	816
10	TTT ACA GAT TAT CTT TTC AAC AAA TCC CTA GAA ATA GAA CCA CGA AAC Phe Thr Asp Tyr Leu Phe Asn Lys Ser Leu Glu Ile Glu Pro Arg Asn 275 280 285	864
15	CCT AAG CCT CTC CCA AGA TTT CCA AAA AAA TAT ACG TAT CCC CTA AAA Pro Lys Pro Leu Pro Arg Phe Pro Lys Lys Tyr Thr Tyr Pro Leu Lys 290 295 300	912
20	TCT CCT GGT GTC CGG CCA TCA AAC CCA AGA CCG GGT ACC ATG AGG ATC Ser Pro Gly Val Arg Pro Ser Asn Pro Arg Pro Gly Thr Met Arg Ile 305 310 315 320	960
25	CCC ACC CCT CTA CAG CAG GAA CCA CGA AAA ATA AGT TAT AGT AGA ATA Pro Thr Pro Leu Gln Gln Glu Pro Arg Lys Ile Ser Tyr Ser Arg Ile 325 330 335	1008
30	CCA GAG TCA GAG ACA GAG AGT ACT GCT AGT GCA CCT AAT TCA CCA AGG Pro Glu Ser Glu Thr Glu Ser Thr Ala Ser Ala Pro Asn Ser Pro Arg 340 345 350	1056
35	ACA CCT CTA ACA CCT CCA CCT GCA TCA GGA ACA TCA Thr Pro Leu Thr Pro Pro Ala Ser Gly Thr Ser 355 360	1092
40	(2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 6:  (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE: (A) LONGUEUR: 364 acides aminés (B) TYPE: acide aminé (D) CONFIGURATION: linéaire	
45	(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 6:  Ile Thr Lys Ile Ile Gln Arg Lys Lys Ile Ala Arg Asp Asn Gly Pro 1 5 10 15	
50	Gly His Asn Ile Thr Phe Gln Ser Ser Pro Pro Thr Val Glu Trp His 20 25 30	
55	Ile Ser Arg Pro Gly His Ile Glu Thr Phe Asp Leu Leu Thr Leu His 35 40 45	
60	Pro Ile Glu Ile Ala Arg Gln Leu Thr Leu Leu Asp Ser Asp Leu Tyr 50 55 60	
65	Arg Ala Val Gln Pro Ser Asp Leu Val Gly Ser Val Trp Thr Lys Glu 65 70 75 80	
70	Asp Lys Glu Ile Asn Ser Pro Asn Leu Leu Lys Met Ile Arg His Thr 85 90 95	

Thr Asn Leu Thr Leu Trp Phe Glu Lys Cys Ile Val Glu Thr Glu Asn  
 100 105 110  
 5 Leu Glu Glu Arg Val Ala Val Val Ser Arg Ile Ile Glu Ile Leu Gln  
 115 120 125  
 Val Phe Gln Glu Leu Asn Asn Phe Asn Gly Val Leu Glu Val Val Ser  
 130 135 140  
 10 Ala Met Asn Ser Ser Pro Val Tyr Arg Leu Asp His Thr Phe Glu Gln  
 145 150 155 160  
 Ile Pro Ser Arg Gln Lys Lys Ile Leu Glu Glu Ala His Glu Leu Ser  
 165 170 175  
 15 Glu Asp His Tyr Lys Lys Tyr Leu Ala Lys Leu Arg Ser Ile Asn Pro  
 180 185 190  
 20. Pro Cys Val Pro Phe Phe Gly Ile Tyr Leu His Asn Ile Leu Lys Thr  
 195 200 205  
 Glu Glu Gly Asn Pro Glu Val Leu Lys Arg His Gly Lys Glu Leu Ile  
 210 215 220  
 25 Asn Phe Ser Lys Arg Arg Lys Val Ala Glu Ile Thr Gly Glu Ile Gln  
 225 230 235 240  
 Gln Tyr Gln Asn Gln Pro Tyr Cys Leu Arg Val Glu Ser Asp Ile Lys  
 245 250 255  
 30 Arg Phe Phe Glu Asn Leu Asn Pro Met Gly Asn Ser Met Glu Arg Glu  
 260 265 270  
 Phe Thr Asp Tyr Leu Phe Asn Lys Ser Leu Glu Ile Glu Pro Arg Asn  
 275 280 285  
 35 Pro Lys Pro Leu Pro Arg Phe Pro Lys Lys Tyr Thr Tyr Pro Leu Lys  
 290 295 300  
 40 Ser Pro Gly Val Arg Pro Ser Asn Pro Arg Pro Gly Thr Met Arg Ile  
 305 310 315 320  
 Pro Thr Pro Leu Gln Gln Glu Pro Arg Lys Ile Ser Tyr Ser Arg Ile  
 325 330 335  
 45 Pro Glu Ser Glu Thr Glu Ser Thr Ala Ser Ala Pro Asn Ser Pro Arg  
 340 345 350  
 50 Thr Pro Leu Thr Pro Pro Pro Ala Ser Gly Thr Ser  
 355 360

## (2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 7:

55 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
 (A) LONGUEUR: 1956 paires de bases  
 (B) TYPE: acide nucléique  
 (C) NOMBRE DE BRINS: double  
 (D) CONFIGURATION: linéaire

60 (ii) TYPE DE MOLECULE: ADNC  
 (iii) HYPOTHETIQUE: NON

## (iii) ANTI-SENS: NON

## 5 (ix) CARACTERISTIQUE ADDITIONNELLE:

(A) NOM/CLE: CDS

(B) EMPLACEMENT: 1..1956

## 10 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 7:

	AGG TTT GAA ATC CCA GAG CCA GAA CCT ACA GAA GCA GAT AAA CTA GCA Arg Phe Glu Ile Pro Glu Pro Glu Pro Thr Glu Ala Asp Lys Leu Ala 1 5 10 15	48
15	CTT GAG AAA GGA GAA CAA CCA ATC TCT GCA GAT CTA AAG AGG TTC AGA Leu Glu Lys Gly Glu Gln Pro Ile Ser Ala Asp Leu Lys Arg Phe Arg 20 25 30	96
20	AAG GAA TAT ATC CAA CCA GTA CAG CTA CGG GTG TTG AAC GTG CAG CGG Lys Glu Tyr Ile Gln Pro Val Gln Leu Arg Val Leu Asn Val Gln Arg 35 40 45	144
25	CAC TGG GTT GAA CAT CAC CCC CAT GAC TTT GAA AGA GAC TTG GAA CTG His Trp Val Glu His His Pro His Asp Phe Glu Arg Asp Leu Glu Leu 50 55 60	192
30	CTC GAA AGA CTA GAA TCC TTC ACC TCA AGC GCT CAC AGA GCG AAA GCA Leu Glu Arg Leu Glu Ser Phe Thr Ser Ser Ala His Arg Ala Lys Ala 65 70 75 80	240
35	ATG AAG AAG TGG GTA GAG AGC ATC GCT AAG ACC ATC AGG AGG AAG AAG Met Lys Trp Val Glu Ser Ile Ala Lys Thr Ile Arg Arg Lys Lys 85 90 95	288
40	CAA GCT CAG GCA AAT GGA GTA AGC CAT AAT ATT ACC TTT GAA AGT CCA Gln Ala Gln Ala Asn Gly Val Ser His Asn Ile Thr Phe Glu Ser Pro 100 105 110	336
45	CCT CCA CCA ATT GAA TGG CAT ATC AGC AAA CCA GGA CAG TTT GAA ACA Pro Pro Pro Ile Glu Trp His Ile Ser Lys Pro Gly Gln Phe Glu Thr 115 120 125	384
50	TTT GAT CTC ATG ACA CTT CAT CCA ATA GAA ATT GCA CGT CAG CTG ACA Phe Asp Leu Met Thr Leu His Pro Ile Glu Ile Ala Arg Gln Leu Thr 130 135 140	432
55	CTT TTG GAG TCT GAT CTT TAC AGG AAA GTT CAA CCG TCT GAA CTT GTA Leu Leu Glu Ser Asp Leu Tyr Arg Lys Val Gln Pro Ser Glu Leu Val 145 150 155 160	480
60	GGG AGT GTG TGG ACC AAA GAA GAT AAA GAA ATA AAT TCT CCA AAT TTA Gly Ser Val Trp Thr Lys Glu Asp Lys Glu Ile Asn Ser Pro Asn Leu 165 170 175	528
65	TTA AAA ATG ATT CGC CAT ACC ACA AAT CTC ACC CTC TGG TTT GAA AAA Leu Lys Met Ile Arg His Thr Thr Asn Leu Thr Leu Trp Phe Glu Lys 180 185 190	576
70	TGC ATT GTG GAA GCA GAA AAT TTT GAA GAA CGG GTG GCA GTA CTA AGT Cys Ile Val Glu Ala Glu Asn Phe Glu Glu Arg Val Ala Val Leu Ser 195 200 205	624
75	AGA ATT ATA GAA ATT CTG CAA GTT TTT CGA GAT TTG AAT AAT TTC AAT	672

	Arg Ile Ile Glu Ile Leu Gln Val Phe Arg Asp Leu Asn Asn Phe Asn	
	210 215 220	
5	GGC GTA TTG GAG ATA GTC AGT GCA GTA AAT TCA GTG TCA GTA TAC AGA Gly Val Leu Glu Ile Val Ser Ala Val Asn Ser Val Ser Val Tyr Arg	720
	225 230 235 240	
10	CTA GAC CAT ACC TTT GAG GCA CTG CAG GAA AGG AAA AGG AAA ATT TTG Leu Asp His Thr Phe Glu Ala Leu Gln Glu Arg Lys Arg Lys Ile Leu	768
	245 250 255	
15	GAC GAA GCT GTG GAA TTA AGT CAA GAT CAC TTT AAA AAA TAC CTA GTA Asp Glu Ala Val Glu Leu Ser Gln Asp His Phe Lys Lys Tyr Leu Val	816
	260 265 270	
20	AAA CTT AAG TCA ATC AAT CCA CCT TGT GTG CCT TTT TTT GGA ATA TAT Lys Leu Lys Ser Ile Asn Pro Pro Cys Val Pro Phe Phe Gly Ile Tyr	864
	275 280 285	
25	TTA ACA AAT ATT CTG AAG ACC GAA GAA GGG AAT AAT GAT TTT TTA AAA Leu Thr Asn Ile Leu Lys Thr Glu Glu Gly Asn Asn Asp Phe Leu Lys	912
	290 295 300	
30	AAG AAA GGG AAA GAT TTA ATC AAT TTC AGT AAG AGG AGG AAA GTA GCT Lys Lys Gly Lys Asp Leu Ile Asn Phe Ser Lys Arg Arg Lys Val Ala	960
	305 310 315 320	
35	GAA ATT ACT GGA GAA ATT CAG CAG TAT CAG AAT CAG CCG TAC TGC CTA Glu Ile Thr Gly Glu Ile Gln Gln Tyr Gln Asn Gln Pro Tyr Cys Leu	1008
	325 330 335	
40	335 340 345 350	
45	CGG ATA GAA CCA GAT ATG AGG AGA TTC TTT GAA AAC CTT AAC CCC ATG Arg Ile Glu Pro Asp Met Arg Arg Phe Phe Glu Asn Leu Asn Pro Met	1056
	340 345 350	
50	GGA AGT GCA TGT GAA AAA GAG TTT ACA GAT TAT TTG TTC AAC AAA AGT Gly Ser Ala Cys Glu Lys Glu Phe Thr Asp Tyr Leu Phe Asn Lys Ser	1104
	355 360 365	
55	TTA GAA ATA GAA CCA CGA AAT TGT AAA CAG CCA CCA CGA TTT CCA CGA Leu Glu Ile Glu Pro Arg Asn Cys Lys Gln Pro Pro Arg Phe Pro Arg	1152
	370 375 380	
60	AAA AGT ACA TTT GAA CTA AAA GAA CCA GGA ATA CGA CCA AAT GCA GGA Lys Ser Thr Phe Glu Leu Lys Glu Pro Gly Ile Arg Pro Asn Ala Gly	1200
	385 390 395 400	
65	395 400 405 410 415	
70	CGA CAT GGA GAA ACA AGT GGA ACA AGA GGA CAT CCA ACA CCT CTA GAA Arg His Gly Glu Thr Ser Gly Thr Arg Gly His Pro Thr Pro Leu Glu	1248
	405 410 415	
75	AGA GAA CCA TAT AAA ATA GAA TTT GAA AGA ATA GCT GAA ACA GAA CTA Arg Glu Pro Tyr Lys Ile Glu Phe Glu Arg Ile Ala Glu Thr Glu Leu	1296
	420 425 430	
80	430 435 440 445	
85	GAA AGT ACA GTA AGT GCA CCA ACA AGT CCA AAT ACT CCC TCA ACA CCA Glu Ser Thr Val Ser Ala Pro Thr Ser Pro Asn Thr Pro Ser Thr Pro	1344
	445 450 455 460	
90	CCA GTT TCA GCA TCA TCA GAT CAC TCA GTA TTT TTA GAT GTA GAT CTA Pro Val Ser Ala Ser Ser Asp His Ser Val Phe Leu Asp Val Asp Leu	1392
	450 455 460	

	AAC AGT AGT CAC GGA TCA AAC ACA ATC TTT GCA CCT GTG CTA CTA CCA Asn Ser Ser His Gly Ser Asn Thr Ile Phe Ala Pro Val Leu Leu Pro 465 470 475 480	1440
5	AAG TCC AAG TCT TTC TTT AGT TCA TGT GGA AGT TTA CAT AAA CTA AGT Lys Ser Lys Ser Phe Phe Ser Ser Cys Gly Ser Leu His Lys Leu Ser 485 490 495	1488
10	GAA GAG CCC CTG ATT CCT CCT CTT CCT CGA AAA AAG TTT GAT Glu Glu Pro Leu Ile Pro Pro Leu Pro Pro Arg Lys Lys Phe Asp 500 505 510	1536
15	CAT GAT GGC TCA AAT TCC AAG GGA AAT ATG AAA TCT GAT GAT GAT CCT His Asp Gly Ser Asn Ser Lys Gly Asn Met Lys Ser Asp Asp Asp Pro 515 520 525	1584
20	CCT GCT ATT CCA CCG AGA CAG CCT CCT CCA AAG GTA AAA CCC AGA Pro Ala Ile Pro Pro Arg Gln Pro Pro Pro Lys Val Lys Pro Arg 530 535 540	1632
25	GTT CCT GTT CCT ACT GGT GCA TTT GAT GGG CCT CTG CAT AGT CCA CCT Val Pro Val Pro Thr Gly Ala Phe Asp Gly Pro Leu His Ser Pro Pro 545 550 555 560	1680
30	CCG CCA CCA CCA AGA GAT CCT CTT CCT GAT ACC CCT CCA CCA GTT CCC Pro Pro Pro Pro Arg Asp Pro Leu Pro Asp Thr Pro Pro Pro Val Pro 565 570 575	1728
35	CTT CGG CCT CCA GAA CAC TTT ATA AAC TGT CCA TTT AAT CTT CAG CCA Leu Arg Pro Pro Glu His Phe Ile Asn Cys Pro Phe Asn Leu Gln Pro 580 585 590	1776
40	CCT CCA CTG GGG CAT CTT CAC AGA GAT TCA GAC TGG CTC AGA GAC ATT Pro Pro Leu Gly His Leu His Arg Asp Ser Asp Trp Leu Arg Asp Ile 595 600 605	1824
45	AGT ACG TGT CCA AAT TCG CCA AGC ACT CCT CCT AGC ACA CCC TCT CCA Ser Thr Cys Pro Asn Ser Pro Ser Thr Pro Pro Ser Thr Pro Ser Pro 610 615 620	1872
50	AGG GTA CCG CGT CGA TGC TAT GTG CTC AGT TCT AGT CAG AAT AAT CTT Arg Val Pro Arg Arg Cys Tyr Val Leu Ser Ser Ser Gln Asn Asn Leu 625 630 635 640	1920
55	GCT CAT CCT CCA GCT CCC CCT GTT CCA CCA AGG GAG Ala His Pro Pro Ala Pro Pro Val Pro Pro Arg Glu 645 650	1956
60	(2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 8:  (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE: (A) LONGUEUR: 652 acides aminés (B) TYPE: acide aminé (D) CONFIGURATION: linéaire  (ii) TYPE DE MOLECULE: protéine  (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 8:  Arg Phe Glu Ile Pro Glu Pro Glu Pro Thr Glu Ala Asp Lys Leu Ala 1 5 10 15	

Leu Glu Lys Gly Glu Gln Pro Ile Ser Ala Asp Leu Lys Arg Phe Arg  
 20 25 30  
 5 Lys Glu Tyr Ile Gln Pro Val Gln Leu Arg Val Leu Asn Val Gln Arg  
 35 40 45  
 His Trp Val Glu His His Pro His Asp Phe Glu Arg Asp Leu Glu Leu  
 50 55 60  
 10 Leu Glu Arg Leu Glu Ser Phe Thr Ser Ser Ala His Arg Ala Lys Ala  
 65 70 75 80  
 Met Lys Lys Trp Val Glu Ser Ile Ala Lys Thr Ile Arg Arg Lys Lys  
 15 85 90 95  
 Gln Ala Gln Ala Asn Gly Val Ser His Asn Ile Thr Phe Glu Ser Pro  
 100 105 110  
 20 Pro Pro Pro Ile Glu Trp His Ile Ser Lys Pro Gly Gln Phe Glu Thr  
 115 120 125  
 Phe Asp Leu Met Thr Leu His Pro Ile Glu Ile Ala Arg Gln Leu Thr  
 130 135 140  
 25 Leu Leu Glu Ser Asp Leu Tyr Arg Lys Val Gln Pro Ser Glu Leu Val  
 145 150 155 160  
 Gly Ser Val Trp Thr Lys Glu Asp Lys Glu Ile Asn Ser Pro Asn Leu  
 30 165 170 175  
 Leu Lys Met Ile Arg His Thr Thr Asn Leu Thr Leu Trp Phe Glu Lys  
 180 185 190  
 35 Cys Ile Val Glu Ala Glu Asn Phe Glu Glu Arg Val Ala Val Leu Ser  
 195 200 205  
 Arg Ile Ile Glu Ile Leu Gln Val Phe Arg Asp Leu Asn Asn Phe Asn  
 210 215 220  
 40 Gly Val Leu Glu Ile Val Ser Ala Val Asn Ser Val Ser Val Tyr Arg  
 225 230 235 240  
 Leu Asp His Thr Phe Glu Ala Leu Gln Glu Arg Lys Arg Lys Ile Leu  
 45 245 250 255  
 Asp Glu Ala Val Glu Leu Ser Gln Asp His Phe Lys Lys Tyr Leu Val  
 260 265 270  
 50 Lys Leu Lys Ser Ile Asn Pro Pro Cys Val Pro Phe Phe Gly Ile Tyr  
 275 280 285  
 Leu Thr Asn Ile Leu Lys Thr Glu Glu Gly Asn Asn Asp Phe Leu Lys  
 290 295 300  
 55 Lys Lys Gly Lys Asp Leu Ile Asn Phe Ser Lys Arg Arg Lys Val Ala  
 305 310 315 320  
 Glu Ile Thr Gly Glu Ile Gln Gln Tyr Gln Asn Gln Pro Tyr Cys Leu  
 60 325 330 335  
 Arg Ile Glu Pro Asp Met Arg Arg Phe Phe Glu Asn Leu Asn Pro Met  
 340 345 350

Gly Ser Ala Cys Glu Lys Glu Phe Thr Asp Tyr Leu Phe Asn Lys Ser  
 355 360 365  
 5 Leu Glu Ile Glu Pro Arg Asn Cys Lys Gln Pro Pro Arg Phe Pro Arg  
 370 375 380  
 Lys Ser Thr Phe Glu Leu Lys Glu Pro Gly Ile Arg Pro Asn Ala Gly  
 385 390 395 400  
 10 Arg His Gly Glu Thr Ser Gly Thr Arg Gly His Pro Thr Pro Leu Glu  
 405 410 415  
 Arg Glu Pro Tyr Lys Ile Glu Phe Glu Arg Ile Ala Glu Thr Glu Leu  
 15 420 425 430  
 Glu Ser Thr Val Ser Ala Pro Thr Ser Pro Asn Thr Pro Ser Thr Pro  
 435 440 445  
 20 Pro Val Ser Ala Ser Ser Asp His Ser Val Phe Leu Asp Val Asp Leu  
 450 455 460  
 Asn Ser Ser His Gly Ser Asn Thr Ile Phe Ala Pro Val Leu Leu Pro  
 465 470 475 480  
 25 Lys Ser Lys Ser Phe Phe Ser Ser Cys Gly Ser Leu His Lys Leu Ser  
 485 490 495  
 Glu Glu Pro Leu Ile Pro Pro Pro Leu Pro Pro Arg Lys Lys Phe Asp  
 30 500 505 510  
 His Asp Gly Ser Asn Ser Lys Gly Asn Met Lys Ser Asp Asp Asp Pro  
 515 520 525  
 35 Pro Ala Ile Pro Pro Arg Gln Pro Pro Pro Pro Lys Val Lys Pro Arg  
 530 535 540  
 Val Pro Val Pro Thr Gly Ala Phe Asp Gly Pro Leu His Ser Pro Pro  
 545 550 555 560  
 40 Pro Pro Pro Pro Arg Asp Pro Leu Pro Asp Thr Pro Pro Pro Val Pro  
 565 570 575  
 Leu Arg Pro Pro Glu His Phe Ile Asn Cys Pro Phe Asn Leu Gln Pro  
 45 580 585 590  
 Pro Pro Leu Gly His Leu His Arg Asp Ser Asp Trp Leu Arg Asp Ile  
 595 600 605  
 50 Ser Thr Cys Pro Asn Ser Pro Ser Thr Pro Pro Ser Thr Pro Ser Pro  
 610 615 620  
 Arg Val Pro Arg Arg Cys Tyr Val Leu Ser Ser Ser Gln Asn Asn Leu  
 625 630 635 640  
 55 Ala His Pro Pro Ala Pro Pro Val Pro Pro Arg Glu  
 645 650

60 (2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 9:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
  - (A) LONGUEUR: 41 bases
  - (B) TYPE: acide nucléique

(C) NOMBRE DE BRINS: simple  
(D) CONFIGURATION: linéaire

5 (ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc

(iii) HYPOTHETIQUE: NON

(iii) ANTI-SENS: NON

10 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 9:  
GATATCGAAT TCCGIGTIYT IAAYGTIYTI MGICAYTGGG T

41

15

(2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 10:

20 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 34 bases

(B) TYPE: acide nucléique

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

25 (ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc

(iii) HYPOTHETIQUE: NON

30 (iii) ANTI-SENS: NON

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 10:

35 AAGCTTGAAT TCCKIMKYTT ISWRAARTTI AKIA

34

REVENDICATIONS

1. Peptide caractérisé en ce qu'il ralentit ou inhibe l'échange du GDP sur le complexe p21-GDP.
2. Peptide selon la revendication 1 caractérisé en ce qu'il comprend tout ou 5 partie des séquences SEQ ID n° 2, 3, 4, 6 ou 8 ou d'un dérivé de celles-ci.
3. Peptide comprenant tout ou partie des séquences SEQ ID n° 2, 3, 4, 6 ou 8 ou d'un dérivé de celles-ci.
4. Anticorps ou fragment d'anticorps dirigé contre un peptide selon l'une quelconque des revendications 1 à 3.
- 10 5. Anticorps ou fragment d'anticorps selon la revendication 4 caractérisé en ce qu'il est dirigé contre la séquence peptidique SEQ ID n° 1.
6. Anticorps ou fragment d'anticorps selon la revendication 5 caractérisé en ce qu'il possède la capacité d'inhiber au moins partiellement l'échange du GDP sur le complexe p21-GDP.
- 15 7. Séquence nucléotidique codant pour un peptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 3.
8. Séquence nucléotidique selon la revendication 7 caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi :
  - (a) tout ou partie des séquences SEQ ID n° 1, 5 ou 7 ou de leur brin complémentaire,
  - 20 (b) toute séquence hybrideant avec une séquence (a) et codant pour un polypeptide selon l'invention, et
  - (c) les séquences dérivées des séquences (a) et (b) en raison de la dégénérescence du code génétique.
- 25 9. Séquence antisens capable d'inhiber au moins partiellement la production de peptides selon la revendication 3.
10. Séquence nucléotidique capable de s'hybridier avec une séquence selon les revendications 7 ou 8 ou avec l'ARNm correspondant.

11. Utilisation d'une séquence selon la revendication 10 pour la détection de l'expression du facteur d'échange du GDP ou pour la mise en évidence d'anomalies génétiques (mauvais épissage, polymorphisme, mutations ponctuelles, etc).
12. Utilisation d'un peptide selon l'une quelconque des revendications 1 à 3 pour la réalisation d'un composé non peptidique ou non exclusivement peptidique capable de moduler les niveaux d'échange du GDP sur des complexes p21-GDP, par détermination des éléments structuraux de ce peptide qui sont importants pour son activité et reproduction de ces éléments par des structures non peptidiques ou non exclusivement peptidiques.
13. Composition pharmaceutique comprenant comme principe actif au moins un peptide selon l'une des revendications 1 à 3 et/ou un anticorps ou fragment d'anticorps selon l'une des revendications 4 à 6 et/ou une séquence nucléotidique selon la revendication 8 et/ou un composé préparé selon la revendication 12.
14. Composition pharmaceutique selon la revendication 13 destinée à moduler l'activation des protéines p21.
15. Composition pharmaceutique selon la revendication 14 destinée à inhiber au moins partiellement l'activation des protéines p21.
16. Composition pharmaceutique selon la revendication 13 destinée au traitement des cancers.
17. Utilisation d'un anticorps ou fragment d'anticorps selon l'une des revendications 4 à 6 et/ou d'une séquence nucléotidique selon la revendication 10 pour la détection de l'expression et/ou d'une surexpression d'un facteur d'échange de GDP amplifié, muté ou réarrangé dans un échantillon biologique.
18. Utilisation d'un anticorps ou fragment d'anticorps selon l'une des revendications 4 à 6 et/ou d'une séquence nucléotidique selon la revendication 10 pour le typage de cancers.
19. Procédé de préparation d'un peptide selon l'une quelconque des revendications 1 à 3 caractérisé en ce que l'on cultive une cellule contenant une séquence nucléotidique selon la revendication 7 dans des conditions d'expression de ladite séquence et on récupère le peptide produit.

1/3

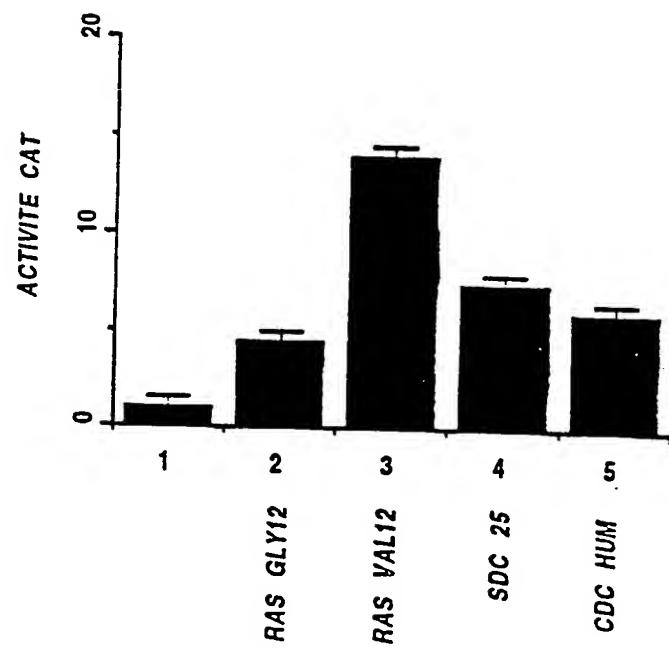


FIGURE 1

2/3

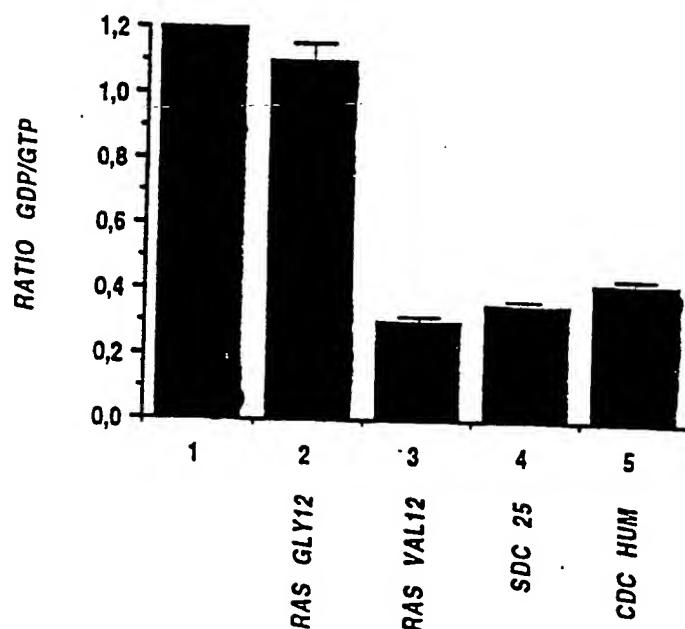


FIGURE 2

FEUILLE DE REMplacement

3/3

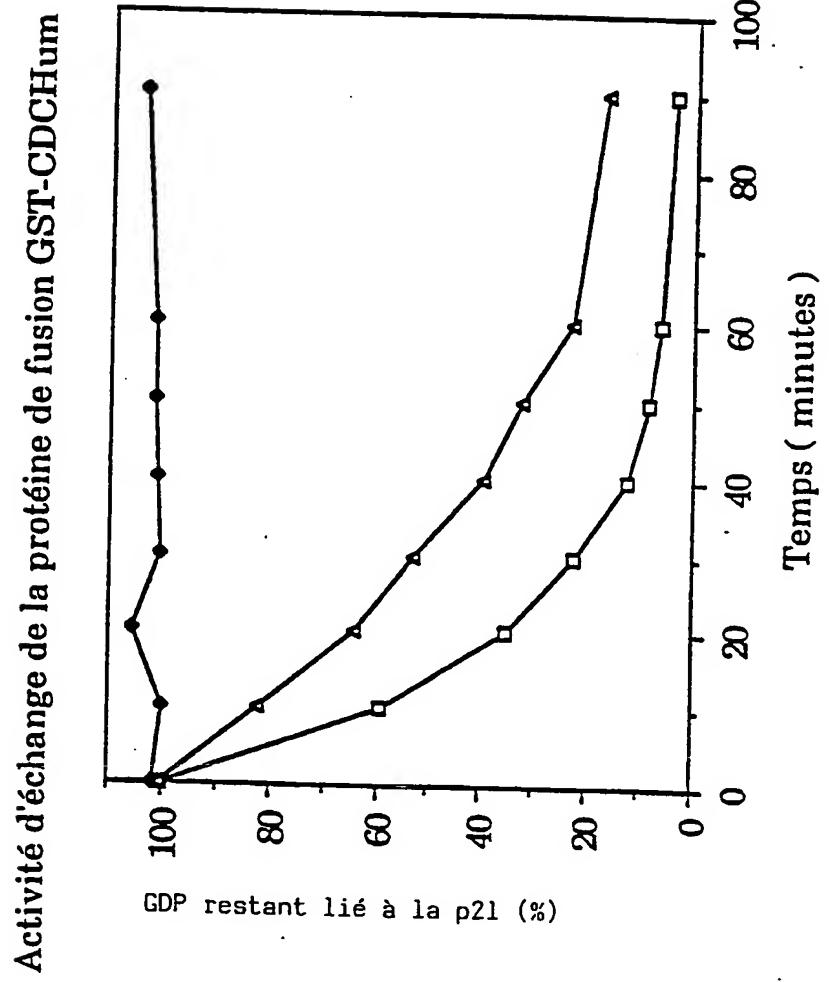


FIGURE 3

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/FR 93/00382

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int. Cl. C12N15/12; C07K13/00; C12P21/08; A61K37/02  
 A61K39/395; G01N33/577; C12Q1/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int. Cl. 5 G07K ; A61K ; C12N ; C12P  
 G01N ; C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p><b>ONCOGENE</b>    vol. 5, No. 9, September 1990,    pages 1321 - 1328</p> <p>YASUO FUKUMOTO ET AL. 'Molecular cloning    and characterization of a novel type of    regulatory protein (GDI) for the rho    proteins, ras p21-like small GTP-binding    proteins'</p> <p>see abstract</p> <p>see page 1321, left-hand column, paragraph    1- right-hand column, paragraph 1</p> <p>see page 1321, right-hand column, paragraph    3 - page 1323, left-hand column, paragraph 2</p> <p>see page 1325, right-hand column, paragraph    2 - page 1326, left-hand column, paragraph 1</p>	1, 7, 20

<input type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of Box C.	<input type="checkbox"/> See patent family annex.
<p>* Special categories of cited documents:</p> <p>"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance</p> <p>"E" earlier document but published on or after the international filing date</p> <p>"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)</p> <p>"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means</p> <p>"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed</p>	<p>"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention</p> <p>"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone</p> <p>"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art</p> <p>"&amp;" document member of the same patent family</p>

Date of the actual completion of the international search  13 August 1993 (13.08.93)	Date of mailing of the international search report  27 August 1993 (27.08.93)
Name and mailing address of the ISA/  EUROPEAN PATENT OFFICE Facsimile No.	Authorized officer  Telephone No.

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/FR 93/00382

## C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>MOLECULAR AND CELLULAR BIOLOGY      vol. 10, No. 8, August 1990, WASHINGTON US      pages 4116 - 4122</p> <p>YASUSHI MATSUI ET AL. 'Molecular cloning      and characterization of a novel type of      regulatory protein (GDI) for smg p25A, a      ras p21-like GTP-binding protein'      see abstract      see page 4116, right-hand column, paragraph      2 - page 4117, left-hand column, paragraph      1; figure 2      see page 4120, right-hand column, paragraph      2 - page 4121, right-hand column, paragraph 3</p>	1, 7, 20
A	<p>JOURNAL OF CELLULAR BIOCHEMISTRY      vol. 16B, 8 February 1992,      page 220</p> <p>RENATA ZIPPEL ET AL. 'CDC25 proteins in      growth regulation and signal transduction      in yeast and mammalian cells'      cited in the application      see abstract H 362</p>	1, 8

**RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE**

Demande Internationale No

PCT/FR 93/00382

**I. CLASSEMENT DE L'INVENTION** (si plusieurs symboles de classification sont applicables, les indiquer tous) <sup>7</sup>

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

CIB 5 C12N15/12;	C07K13/00;	C12P21/08;	A61K37/02
A61K39/395;	G01N33/577;	C12Q1/68	

**II. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE**

Documentation minimale consultée<sup>8</sup>

Système de classification	Symboles de classification			
CIB 5	C07K ; G01N ;	A61K ; C12Q	C12N ;	C12P

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où de tels documents font partie des domaines sur lesquels la recherche a porté<sup>9</sup>

**III. DOCUMENTS CONSIDÉRÉS COMME PERTINENTS<sup>10</sup>**

Catégorie <sup>11</sup>	Identification des documents cités, avec indication, si nécessaire, <sup>12</sup> des passages pertinents <sup>13</sup>	No. des revendications visées <sup>14</sup>
X	<p>ONCOGENE      vol. 5, no. 9, Septembre 1990,      pages 1321 - 1328      YASUO FUKUMOTO ET AL. 'Molecular cloning      and characterization of a novel type of      regulatory protein (GDI) for the rho      proteins, ras p21-like small GTP-binding      proteins'      voir abrégé      voir page 1321, colonne de gauche, alinéa      1 - colonne de droite, alinéa 1      voir page 1321, colonne de droite, alinéa      3 - page 1323, colonne de gauche, alinéa 2      voir page 1325, colonne de droite, alinéa      2 - page 1326, colonne de gauche, alinéa 1      ---</p> <p align="right">-/-</p>	1,7,20

<sup>10</sup> Catégories spéciales de documents cités:<sup>11</sup>

"A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent

"E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date

"L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)

"O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens

"P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

"T" document ultérieur publié postérieurement à la date de dépôt international ou à la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention

"X" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive

"Y" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier.

"&" document qui fait partie de la même famille de brevets

**IV. CERTIFICATION**

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée  13 AOUT 1993	Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale  27 -08- 1993
---	--

Administration chargée de la recherche internationale

OFFICE EUR. PEEN DES BREVETS

Signature du fonctionnaire autorisé

MONTERO LOPEZ B.

III. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS <sup>14</sup>		(SUITE DES RENSEIGNEMENTS INDIQUES SUR LA DEUXIEME FEUILLE)
Catégorie <sup>15</sup>	Identification des documents cités, <sup>16</sup> avec indication, si nécessaire des passages pertinents <sup>17</sup>	No. des revendications visées <sup>18</sup>
X	<p>MOLECULAR AND CELLULAR BIOLOGY vol. 10, no. 8, Août 1990, WASHINGTON US pages 4116 - 4122</p> <p>YASUSHI MATSUI ET AL. 'Molecular cloning and characterization of a novel type of regulatory protein (GDI) for smg p25A, a ras p21-like GTP-binding protein'</p> <p>voir abrégé</p> <p>voir page 4116, colonne de droite, alinéa 2 - page 4117, colonne de gauche, alinéa 1; figure 2</p> <p>voir page 4120, colonne de droite, alinéa 2 - page 4121, colonne de droite, alinéa 3</p> <p>-----</p>	1,7,20
A	<p>JOURNAL OF CELLULAR BIOCHEMISTRY vol. 16B, 8 Février 1992, page 220</p> <p>RENATA ZIPPEL ET AL. 'CDC25 proteins in growth regulation and signal transduction in yeast and mammalian cells' cité dans la demande see abstract H 362</p> <p>-----</p>	1,8

(12) INTERNATIONAL APPLICATION PUBLISHED UNDER THE PATENT COOPERATION TREATY (PCT)

(19) World Intellectual Property Organization  
International Bureau



(43) International Publication Date  
2 November 2000 (02.11.2000)

PCT

(10) International Publication Number  
**WO 00/65054 A3**

(51) International Patent Classification<sup>7</sup>: C12N 15/12,  
C07K 14/705, 16/28, C12Q 1/68, A61K 38/17, G01N  
33/53

[IN/US]; 1233 W. McKinley Drive, Sunnyvale, CA 94086  
(US). AZIMZAI, Yalda [US/US]; 2045 Rock Springs  
Drive, Hayward, CA 94545 (US). BAUGHN, Mariah, R.  
(US/US); 14244 Santiago Road, San Leandro, CA 94577  
(US).

(21) International Application Number: PCT/US00/10884

(22) International Filing Date: 20 April 2000 (20.04.2000)

(74) Agents: HAMLET-COX, Diana et al.: Incyte Genomics,  
Inc., 3160 Porter Drive, Palo Alto, CA 94304 (US).

(25) Filing Language: English

(81) Designated States (*national*): AE, AL, AM, AT, AU, AZ,  
BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE,  
ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP,  
KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD,  
MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD,  
SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ,  
VN, YU, ZA, ZW.

(26) Publication Language: English

(30) Priority Data:  
60/130,694 23 April 1999 (23.04.1999) US  
60/140,580 23 June 1999 (23.06.1999) US

(84) Designated States (*regional*): ARIPO patent (GH, GM,  
KE, LS, MW, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW). Eurasian patent  
(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), European patent  
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU,  
MC, NL, PT, SE), OAPI patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM,  
GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(63) Related by continuation (CON) or continuation-in-part  
(CIP) to earlier applications:

US 60/130,694 (CIP)  
Filed on 23 April 1999 (23.04.1999)  
US 60/140,580 (CIP)  
Filed on 23 June 1999 (23.06.1999)

Published:

- With international search report.
- Before the expiration of the time limit for amending the claims and to be republished in the event of receipt of amendments.

(71) Applicant (*for all designated States except US*): INCYTE  
GENOMICS, INC. [US/US]; 3160 Porter Drive, Palo  
Alto, CA 94304 (US).

(88) Date of publication of the international search report:  
15 February 2001

*For two-letter codes and other abbreviations, refer to the "Guidance Notes on Codes and Abbreviations" appearing at the beginning of each regular issue of the PCT Gazette.*

A3

WO 00/65054 A3

(54) Title: HUMAN MEMBRANE-ASSOCIATED PROTEINS

(57) Abstract: The invention provides human membrane-associated proteins (HUMAP) and polynucleotides which identify and encode HUMAP. The invention also provides expression vectors, host cells, antibodies, agonists, and antagonists. The invention also provides methods for diagnosing, treating, or preventing disorders associated with expression of HUMAP.